دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

"مقاله پژوهشی"

مدل‌سازی معادلات ساختاری سازه‌های ژنتیکی پنهان تولیدی، تولید مثلی و ماندگاری در گاوهای هلشتاین ایران

مصطفی قادری‌زفره‌ای[۱]، فرشاد گراوند[۲]، آزاده ترابی[۳] و سیدصمد بهشتی[٤]

۱- دانشیار، گروه علوم دامی، دانشگاه یاسوج، یاسوج، ایران، (نویسنده مسوول: mghaderi@yu.ac.ir)
۲- دانشجوی ژنتیک و اصلاح نژاد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج، ایران
۳- استادیار، گروه کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران
۴- استادیار، گروه علوم اجتماعی، دانشگاه یاسوج، یاسوج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۳/۲۳ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۷/۱۳
صفحه: ۱۳۴ تا ۱۵۰

چکیده

در مدل‌سازی معادلات ساختاری، امکان ایجاد متغیرهای پنهان وجود دارد و این متغیرها به طور مستقیم توسط پژوهشگر قابل اندازه‌گیری نیستند. هدف از این پژوهش مدل‌سازی معادلات ساختاری سازه‌های ژنتیکی پنهان تولیدی، تولید مثلی و ماندگاری گاوهای شیری هلشتاین ایران با استفاده از ارزش ارثی صفات تشکیل‌دهنده این سازه‌ها بود. بر این اساس، ارزش ارثی صفات سن اولین زایش، فاصله زایش و روزهای باز تشکیل‌دهنده سازه ژنتیکی پنهان تولید مثلی؛ صفات تولید شیر، چربی و پروتئین تصحیح شده تشکیل‌دهنده سازه ژنتیکی پنهان تولیدی و صفات طول عمر در گله و طول عمر تولیدی، تشکیل‌دهنده سازه ژنتیکی پنهان ماندگاری بودند. برآورد مدل حیوانی تک صفتی و چند صفتی مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی، ارزش‌های ارثی هر یک از صفات ذکر شده در بالا با استفاده از روش بیزی و با نرم‌افزار GIBBS3F90 انجام شد. برای این منظور تعداد ۵۰۰۰۰۰ دور به اجرادر آمد که ۵۰۰۰۰ نمونه ابتدایی به‌عنوان دوره‌های سوخته از تجزیه و تحلیل حذف شد. در ادامه با استفاده از روش واریانس محور و با استفاده از نرم‌افزار SMARTPLS، ٤ مدل مفهومی از مدل‌سازی معادلات ساختاری (SEM) با استفاده از ارزش ارثی صفات یاد شده ایجاد شد. با استفاده از مدل تک صفتی وراثت‌پذیری صفات تولید شیر، تولید جربی، تولید پروتئین، سن نخستین زایش، فاصله زایش، روزهای باز، طول عمر در گله و طول عمر تولیدی به ترتیب ۰/۳٦، ۰/۵۵، ۰/٥٦، ۰/۲٥، ۰/۲٤، ۰/۰۷، ۰/۰۷ و ۰/۰۱۱ و با استفاده از مدل چند صفتی این مقادیر به ترتیب ۰/۲۱، ۰/٥۲، ۰/٤۲، ۰/٤۸، ۰/۳۸، ۰/۰۸، ۰/۷٤ و ۰/٥۱ برآورد شدند. همبستگی ژنتیکی برآورد شده بین صفات از ۰/۸۷- (تولید شیر-تولید چربی) تا ۰/۹۸ (طول عمر در گله- طول عمر تولیدی) متغیر بود. شاخص ریشه میانگین پسماند(RMSR) حاکی از برازش مدل‌های مختلف SEM روی ارزش‌های ارثی صفات تشکیل‌دهنده سازه‌های مختلف نشان داد که وقتی سازه پنهان تولید مثلی روی سازه پنهان ماندگاری و تولیدی اثر علّی داشته باشد و هم زمان سازه ماندگاری روی سازه تولید اثر علّی داشته باشد، بهترین برازش مدل SEM روی داده حاصل می‌شود. چنین نگاه مدل‌سازی در علوم دامی برای اولین بار در این پژوهش استفاده شده است. بنابراین تطبیق مفروض‌های مدل‌سازی SEM با واقعیت‌های موجود در داده‌های علوم دامی، می‌تواند یک حوزه جدید برای متخصصان اصلاح نژاد و بالاخص مدیران واحدهای تولیدی به‌شمار آید، چرا که پژوهشـــگران علوم اصلاح نژادی، سوال‌ها و فرضیه‌های زیادی را می‌توانند در غالب ایجاد سازه‌های مختلف و مناسب ایجاد نمایند و با توجه به رابطه علّی و معلولی معنی‌دار استخراج شده بین سازه‌ها، مدیریت بهتری را برای واحد پرورش پایه‌ریزی نمایند.

واژه‌های کلیدی: روش بیزی، سازه پنهان، گاو هلشتاین، مدل‌سازی معادلات ساختاری (SEM)

مقدمه

طبق آخرین آمار رسمی وزارت جهاد کشاورزی، تعداد ۱۸۸۳۰ واحد صنعتی گاو داری با ظرفیت ۲۰۴۸۵۶۳ راس گاو شیرده در کشور مشغول فعالیت هستند. طی سال‌های ۱۳۸۳ تا ۱۳۸۷ تولید شیر دارای یک روند رو به رشد بوده است (۳۲). با وجود روند افزایشی تولید شیر در کشور اما هنوز سرانه مصرف شیر از حد استاندارد جهانی پایین تر است. سرانه صرف شیر در کشور برای هرنفر برابر با ۹۵ کیلوگرم می باشد، در حالی که سرانه مصرف شیر در جهان برابر با ۱۶۹ کیلوگرم و در اروپا برابر با ۳۵۰ کیلوگرم در سال است (۳۲). با توجه به نتایج پژوهش‌های مختلف انجام شده بر روی گاوهای هلشتاین ایران (۳۵، ۳۴، ۳۲، ۴) و آمار و اطلاعات موجود می‌توان دریافت که این دام‌ها باید از جنبه‌های گوناگون مورد مطالعه قرار گیرند. به‌علاوه، صفاتی که در گاوداری‌های صنعتی گاو شیری در سراسر دنیا رکوردگیری می‌شوند را می‌توان در سه دسته عمده سازه پنهان تولیدی[۱]، تولید مثلی[۲] و ماندگاری[۳] دسته‌بندی کرد[۴]. از جمله صفات تولیدی در گاوهای شیری می‌توان به مقدار شیر، درصد چربی و پروتئین اشاره نمود که جزء صفات کمی بوده و تعداد زیادی ژن در کنترل آنها دخیل هستند (۲۱) و معمولا صفات تولیدی به‌عنوان اولین معیار انتخاب و اصلاح نژاد در نظر گرفته می‌شوند (۱۱)، همچنین صفات تولید مثلی نقش مهمی در سودآوری واحدهای صنعتی پرورشی دارند و از آن‌جا که ایجاد تمامی صفات تولیدی در گله به برقراری موفقیت‌آمیز زایش گاوها در گله بستگی دارد، تمامی توجه در صنعت پرورش گاو شیری به برقراری زایش به ازای هر گاو در یک سال می‌باشد. برای این منظور معمولا کارایی تولید مثلی در گاوهای شیری مورد ارزیابی قرار می‌گیرد. کارایی تولید مثل یک گاو از طریق اندازه‌گیری صفاتی هم چون سن اولین زایش، طول دوره آبستنی، روزهای باز، تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی و فاصله

1- Hidden Productive Construct
2- Hidden Reproductive Construct
3- Hidden Longivity Construct
۴- لازم به ذکر است در سرتاسر این مقاله از واژه "سازه (Construct)" برای نامیدن صفات تولیدی، تولید مثلی و ماندگاری، که خود شامل تعدادی صفات دیگر هستند و در متن مقاله آمده است، استفاده می شود. واژه "سازه" در واژه شناسی مدل سازی معادلات ساختاری (SEM) به صورت متغیر پنهان ظاهر می‌شود و قدرت زیادی برای اندازه‌گیری آن دسته از متغیرهایی که به راحتی قابل اندازه‌گیری نیستند را به پژوهشگر می‌دهد. درک این نکته می‌تواند به خواننده کمک کند که مقاله را به آسانی دنبال کند.

[DOR: 20.1001.1.22518622.1399.11.30.15.7]
[DOI: 10.52547/rap.11.30.134]

دو زایش ارزیابی می‌شود. سازه ماندگاری یک معیار عمومی برای بررسی میزان ماندگاری یک گاو در یک گله را ارایه می‌دهد. صفاتی مثل طول عمر تولیدی و طول عمر در گله در این حوزه معمولا طبقه بندی می‌شوند. تمامی این سه سازه می‌توانند به طور مستقیم و غیر مستقیم در انتخاب گاوهای برتر و کمک به افزایش ماندگاری این افراد و تداوم دوره تولید و زایش در گله کمک شایانی کنند. در پرورش گاو شیری، سودآوری ممکن است به‌طور مستقیم از طریق صفات تولیدی مانند شیر و یا به طور غیرمستقیم از طریق صفات غیر تولیدی یا عملکردی نظیر باروری، سلامت، ماندگاری و غیره اصل شود (۱۷). ازآنجایی‌که بهبود ژنتیکی گله بستگی به وجود تلیسه کافی و مناسب جهت جایگزینی دام‌های مسن دارد، عملکرد مناسب تولید مثل دام‌ها حائز اهمیت است. (۶). تعداد روزهای از تولد تا روز اولین زایش را سن اولین زایش گویند که معمولاً متوسط سن اولین زایش حدود ۲۴ ماهگی می‌باشد (۲۵،۱۰). برنامه‌های انتخاب ژنتیکی در سال‌های اخیر منجر به پیشرفت قابل‌توجهی در تولید شیر شده‌اند و در مقابل باعث کاهش باروری، ماندگاری و همچنین کاهش مقاومت به بیماری شده‌اند (۴۴،۴۵). مؤثرترین راه برای کاهش و یا متوقف کردن روند نزولی راندمان تولید مثلی، استفاده از شاخص انتخاب چندصفتی است که در آن پیشرفت ژنتیکی چند صفت به طور هم‌زمان صورت می‌گیرد. از طرفی دیگر مدل‌های متکی به سازه یا متغیر پنهان[1] در این حوزه تا کنون توسعه داده نشده است (۲۹). در حال حاضر اکثراً از مدل‌های چند صفتی برای ارزیابی ژنتیکی صفات تولیدی، تولید مثلی و ماندگاری در گله‌های گاو شیری استفاده شده است. اما به طور تجربی نشان داده شده است که بین برخی صفات تولیدی، تولید مثلی و ماندگاری روابط علّی وجود داشته و در نظر نگرفتن این روابط مدیریت این صفات را مشکل می‌کند. یکی از روش‌های آماری پذیرفته شده برای محاسبه رابطه علّی و معلولی بین متغیرها (عمدتا پنهان)، مدل‌سازی معادلات ساختاری یا به طور اختصار SEM[2] است.

کاربرد اصلی SEM در موضوعات چند متغیره‌ای است که نمی‌توان آن‌ها را به شیوه دو متغیری با در نظر گرفتن هر بار یک متغیر مستقل و یک متغیر وابسته انجام داد. از جمله مزایای که SEM در اختیار پژوهش‌گر قرار می‌دهد، می‌توان به توانایی در ایجاد و مدل‌سازی متغیر پنهان و نیز در نظر گرفتن خطاهای اندازه گیری متغیرها در محاسبات اشاره کرد. این پژوهش برای اولین بار مبادرت به مدل‌سازی معادلات ساختاری برای صفات نامبرده نموده است. مدل‌های معادلات ساختاری از دو قسمت «مدل اندازه‌گیری» و «مدل ساختاری» تشکیل می‌شوند. مدل‌های معادلات ساختاری با ادغام دو مدل تحلیل عوامل تأییدی و تحلیل توابع ساختاری، بسیاری از مسائل و مشکلات اندازه‌گیری متغیرهای نهفته و استنباط روابط علّی و معلولی بین این متغیرهای نهفته را آسان می‌سازد (۲۸). امروزه با افزایش تعداد رکوردهای اندازه‌گیری شده در صنعت اصلاح نژادی جهان و متغیرهای فراوان، استفاده از روش‌های غیر مرسوم اصلاح نژاد معقول به نظر می‌رسد. برای اولین بار استفاده از SEM در پژوهش‌های ژنتیک کمی و شناسایی ساختار علّی میان صفات توسط جیانولا و سورنسون در سال ۲۰۰۴ پیشنهاد شد، که در این روش ساختار شناسایی شده بر اساس شاخص‌های آماری باید دارای توجیه زیستی باشد. استفاده از SEM برای اولین بار در ایران جهت ارزیابی ژنتیکی گاوهای هلشتاین ایران توسط ستایی مختاری استفاده شد (۷،۱۳). اما از متغیر پنهان برای مدل‌سازی SEM استفاده نشد و هیچ‌گونه متغیر پنهانی روی داده‌های گاو شیری در ایران صورت نگرفته است. این پژوهش برای نخستین بار سازه پنهان ژنتیکی را با استفاده از داده‌های گاو شیری ایجاد کرد و در اصلاح نژاد و مدیریت واحدهای پرورش گاو شیری بررسی نمود. برای این منظور از ارزش‌های ارثی صفات تولید شیر، چربی و پروتئین برای ایجاد سازه پنهان ژنتیکی تولیدی و از ارزش‌های ارثی صفات سن نخستین زایش، فاصله زایش و روزهای باز در گاوهای شیری برای ایجاد سازه پنهان ژنتیکی صفات تولیدمثلی و در نهایت از ارزش ارثی صفات طول عمر در گله و طول عمر تولیدی برای ایجاد سازه پنهان ژنتیکی استفاده شد. پس از ارزیابی‌های ژنتیکی، SEM بر روی ارزش‌های اصلاحی انجام شد. اهداف این پژوهش شامل برآورد مؤلفه‌های واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی سازه تولیدی (تولید شیر، درصد چربی و درصد پروتئین) و سازه تولید مثلی (سن اولین زایش، فاصله گوساله‌زایی و روزهای باز) و سازه ماندگاری (طول عمر تولید و طول عمر در گله)، برآورد همبستگی ژنتیکی بین صفات نامبرده، استخراج سازه ژنتیکی پنهان برای سازه تولیدی، تولید مثلی و ماندگاری، مدل‌سازی و استخراج روابط علّی بین سازه‌های ژنتیکی پنهان و ارائه رویکردی جدید و عملی جهت ارزیابی مدیریت ژنتیکی مجموعه سازه‌های تولیدی، تولید مثلی و ماندگاری بود.

مواد و روش‌ها

داده‌های مورد استفاده

رکوردهای مورد استفاده در این پژوهش از گاوداری صنعتی گاوهای هلشتاین شرکت فکا واقع در شهر اصفهان بدست آمد. برای هر گاو داده‌های شناسنامه‌ای (نظیر تاریخ تولد، شماره پدر، تاریخ اولین زایش)، رکوردهای تولیدی (روز تولید و تولید تجمعی مثل تولید شیر تصحیح شده، تولید پروتئین تصحیح شده، تولید چربی شیر تصحیح شده)، رکوردهای تولید مثلی (نظیر سال زایش، فصل زایش نوع زایش، جنس گوساله متولدشده، سن اولین زایش، فاصله دو زایش، روزهای باز، تاریخ خشک‌کردن، تعداد تلقیح به ازای هر گاو، تاریخ تلقیح) و رکوردهای حذف- چه اختیاری چه غیراختیاری- از گله در دسترس بودند. در جدول ۱ ساختار شجره گاوهای هلشتاین گاوداری صنعتی شرکت فکا ارائه شده است. شجره بعد از مرتب‌سازی در نرم‌افزار FoxPro نسخه ۹ با استفاده از نرم‌افزار CFC استخراج و شماره‌گذاری شد (۳۹).

1- Hidden Variable
2- Structural Equation Modeling (SEM)

جدول ۱ – ساختار شجره گله گاوهای هلشتاین در گاوداری صنعتی فکا
Table 1. Pedigree structure of herd of Holstein cattle in Foka Industrial Livestock

تعداد افراد	۱۲۴۹۱	ماده‌های بنیان گذار	۱۳۱۲
افراد همخون	۱۶۶	نتاج ماده های بنیان‌گذار	۱۷۵۸
نرها	۶۸۷	افراد با فقط پدر مشخص	۱۲۴
نرهای دارای نتاج	۱۰۴۸۶	افراد با فقط مادر مشخص	۶
ماده‌ها	۶۷۵۳	افراد دارای هم پدر و هم مادر معلوم	۱۰۳۶۲
ماده‌های دارای نتاج	۱۰۳۶۸	گروه‌های تنی	۱۴۵
افراد دارای نتاج	۷۴۴۰	متوسط اندازه خانواده	۲/۰۲
افراد بدون نتاج	۵۰۵۱	حداقل اندازه	۲
بنیان گذاران	۱۹۹۹	حداکثر	۳
نتاج بنیان‌گذار	۱۰۴۸۹	تعداد افراد با ضریب همخونی:	
نرهای بنیان‌گذار	۶۸۷	بین ۰ و ۰/۱	۱۱۶
نتاج نرهای بنیان‌گذار	۱۰۴۸۶	بین ۰/۱ و ۰/۳	۵۰

به‌منظور ارزیابی‌های ژنتیکی، صفات به سه دسته سازه تولیدی، تولید مثلی و ماندگاری گروه‌بندی شدند. سازه تولیدی شامل صفات تولید شیر، تولید چربی تصحیح شده و تولید پروتئین تصحیح شده بودند. سازه تولید مثلی شامل سن اولین زایش AFC[1] ، فاصله گوساله‌زایی CI[2] و روزهای باز OD[3] بودند. صفت سن اولین زایش از تفاوت بین تاریخ زایش و تاریخ تولد مادر محاسبه شد و گاوهایی که هنگام زایش سنین کمتر از ۱۸ ماه و بیشتر از ۳۶ ماه داشتند از مجموعه رکوردها حذف شدند. صفت فاصله گوساله‌زایی به صورت تعداد روزهای موجود بین دو زایش متوالی یک گاو محاسبه شد و مقادیر بین ۳۰۰ و ۶۰۰ روز به عنوان مقادیر طبیعی برای این صفت در نظر گرفته شد. صفت روزهای باز یا روزهای غیرآبستن به صورت تعداد روزهای بین زایش در شکم اول و آبستنی در شکم دوم تعیین شد و گاوهایی با رکورد کمتر و بیشتر از ۴۰ و۲۸۰ روزه از مجموعه رکوردها حذف شدند. تمامی این ویرایش‌ها و آماده‌سازی رکوردهای تولید مثلی با استفاده از نرم‌افزارهای Access، Excel و FoxPro نسخه ۹ انجام گرفت. رکوردهای تولید شیر در دامنه ۱۲۰۰ تا ۱۳۰۰۰ کیلوگرم در نظر گرفته شد. برای صفت درصد چربی نیز رکوردهای روز–آزمونی دامنه‌ی ۱/۵ تا ۷ درصد، استفاده شد. برای صفت پروتئین نیز رکوردهای روز آزمونی دامنه ۱ تا ۷ درصد استفاده شد. سازه ماندگاری نیز به دو صفت طول عمر در گله و طول عمر تولیدی دسته بندی شدند. طول عمر در گله از تفاضل تاریخ حذف فرد از گله از تاریخ تولد او محاسبه شد. طول عمر تولید نیز از تفاضل تاریخ حذف فرد از تاریخ زایش فرد محاسبه شد. لازم به ذکر است در این پژوهش از مخفف MAND1 و MAND2 به ترتیب برای صفات طول عمر در گله و طول عمر تولیدی در نظر گرفته شد. در نهایت به منظور محاسبه صفت سن مادر هنگام زایش از رویه پرس و جو (Query) FoxPro استفاده شد. عملیات مشابهی برای استخراج صفات تولید مثلی هم چون فاصله گوساله‌زایی، فاصله آبستنی و روزهای باز انجام شد. برای محاسبه و استخراج صفت طول آبستنی از تفاضل ستون‌های زایش و باروری در اولین زایش استفاده شد. هم‌چنین صفت روزهای باز از تفاضل ستون‌های سن مادر هنگام باروری در شکم زایش دوم و سن هنگام زایش اول استفاده شد.

تعیین اثر عوامل ثابت

اثرات فصل، سال زایش و اثرات متقابل آن‌ها روی صفات تشکیل‌دهنده سازه‌های تولیدی و تولید مثلی و ماندگاری مورد بررسی قرار گرفتند. آزمون معنی‌داری با استفاده از نرم‌افزار آماری SAS و رویه GLM انجام شد و در نهایت از بین اثرات مورد استفاده، اثر متقابل سال×فصل معنی‌دار شد (p<۰/۰۵) و در تمامی ارزیابی‌های ژنتیکی و برای تمامی صفات اثر متقابل سال×فصل زایش به عنوان اثرات ثابت معنی‌دار در نظر گرفته شد همچنین صفات تولیدی روز شیردهی و سن مادر به هنگام زایش به عنوان متغیر همبسته و برای صفات تولید مثلی، سن مادر هنگام زایش (به استثنا صفت سن مادر هنگام زایش) به عنوان متغیر همبسته در مدل‌های مورد استفاده در نظر گرفته شد.

مدل و برآورد مولفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی

برای برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی تمامی صفات از مدل حیوانی تک صفتِ استفاده شد: Y=Xb+Zu+e که در آن y متغیر یا صفت مشاهده شده، b بردار اثرات ثابت u بردار اثرات ژنتیکی افزایشی و e اثرات خطا می‌باشد. X و Z نیز به ترتیب ماتریس‌های ارتباط‌دهنده مشاهدات به اثرات ثابت و تصادفی می‌باشد. در این مدل فرض شد که

$E(y) = XB \quad E(u) = E(e) = 0 \quad var(u) = G = A\sigma^2_a \quad var(e) = R = I\sigma^2_e$

$Var(y) = ZGZ' + R \qquad cov(u,e) = 0$

برای برآورد همبستگی ژنتیکی صفات تشکیل‌دهنده هر سازه، از مدل حیوانی سه صفتِ برای صفات تولیدی (تولید شیر تصحیح شده، تولید پروتئین شیر تصحیح شده و تولید چربی تصحیح شده) و تولید مثلی (سن نخستین زایش، فاصله زایش و روزهای باز) و مدل حیوانی دو صفتی (طول عمر تولید و طول عمر گله) برای صفات عملکردی استفاده گردید. به علت زیاد بودن تعداد داده‌ها و محدودیت‌های محاسباتی از چندسری تجزیه دو و سه صفتی بر اساس صفات مختلف استفاده شد. فرم ماتریسی مدل حیوانی دو صفتی به صورت زیر بود:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_1 & 0 \\ 0 & x_2 \end{bmatrix}\begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} z_1 & 0 \\ 0 & z_2 \end{bmatrix}\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

1- Age at First Calving(AFC) 2- Calving Interval(CI) 3- Open Days(OD)

که در آن: y1 و y2 بردار مشاهدات مربوط به صفات مورد بررسی، X1 وX2 ماتریس ضرایب عوامل ثابت، Z1 و Z2 ماتریس عوامل تصادفی، a1 وa2 بردار مربوط به ارزش اصلاحی و e1 وe2 بردار خطای صفات مورد بررسی هستند. هم‌چنین فرض شد که:

E(a1) = E(a2) = E(e1) = E(e1) = 0
E(y1) = X1b1 و E(y2) = X2b2

ساختار واریانس- کوواریانس عامل تصادفی نیز به صورت زیر بود.

$$\mathrm{var}\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ e_2 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a1}^2 & A\sigma_{a12} & 0 & 0 \\ A\sigma_{a21} & A\sigma_{a2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{e1}^2 & I\sigma_{e12} \\ 0 & 0 & I\sigma_{e21} & I\sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

σ_{a1}^2 و σ_{a2}^2 به ترتیب واریانس‌های ژنتیک افزایشی برای صفت اول و دوم، σ_{e1}^2و σ_{e2}^2 واریانس باقیمانده به ترتیب برای صفات اول و دوم، σ_{a12} و σ_{e12} به ترتیب کواریانس‌های ژنتیکی افزایشی و باقیمانده بین صفت اول و دوم می‌باشند (۳۲) که در این رابطه A و I به ترتیب ماتریس رابطه خویشاوندی و همانی می‌باشد. برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی و تولید مثلی و عملکردی با استفاده از روش بیزی و نرم‌افزار Gibbs3f90b از مجموعه نرم افزاری blupf90 انجام گرفت. تعداد ۵۰۰۰۰۰ دور اصلی اجرا شد، ۵۰۰۰۰ نمونه ابتدایی به‌عنوان دوره‌های سوخته حذف گردید. فواصل بین نمونه گیری نیز ۵۰۰۰ در نظر گرفته شد. به منظور برآورد همبستگی فنوتیپی و محیطی از همبستگی دو و سه متغیره بین هر دسته از صفات تولیدی و تولید مثلی و عملکردی به صورت مجزا استفاده شد. برای محاسبه همبستگی فنوتیپی بین صفات مورد مطالعه از رویه همبستگی اسپیرمن و با استفاده از نرم‌افزار SAS ۹/۱ استفاده شد و معنی‌داری در سطح ۰/۰۵ (p<۰/۰۵) مورد بررسی قرار گرفت. همبستگی ژنتیکی بین صفات محاسبه شد و برای محاسبه واریانس فنوتیپی از فرمول $\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + +\sigma_e^2$، برای وراثت پذیری از فرمول $h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2+\sigma_e^2+}$ استفاده شد.

مدل‌سازی معادلات ساختاری صفات ژنتیکی پنهان

به طور کلی در مدل‌سازی معادلات ساختاری از دو رهیافت محاسباتی کوواریانس محور که اساس نرم‌افزار آماری AMOS است (۶). رهیافت واریانس محور که اساس نرم‌افزار smartpls[1] است استفاده شد. در این پژوهش از رهیافت واریانس محور و از نرم‌افزار smartpls و از ارزش‌های ارثی بدست آمده صفات مختلف در بخش تحلیل‌های ژنتیکی استفاده شد. روش مورد استفاده در این پژوهش با پژوهش جیانولا و سورنسون (۲۰۰۴) متفاوت بود. روش استفاده شده در این پژوهش عمدتا در پژوهش های علوم اجتماعی و روان شناسی به کار می‌رود که بسیاری از متغیرها جنبه‌های اجتماعی، اقتصادی، سیاسی و یا فرهنگی دارند و این جنبه‌ها به خودی خود یک شاخص منفرد برای ارزیابی را ندارند و هر کدام توسط مجموعه‌ای از دیگر متغیرها ارزیابی و سنجیده می‌شوند. نرم‌افزار smartpls بر اساس محاسبه حداقل مربعات جزئی کار می‌کند، ضرائب علّی که در روش پیشنهاد داده شده محاسبه می‌شوند ضرائیب رگرسیونی هستند که برای اثرات مختلف تصحیح شده‌اند (۲۷،۲۹).

نتایج و بحث

آمار توصیفی سازه‌های تولیدی، تولید مثلی و ماندگاری گاوهای هلشتاین گاوداری صنعتی فکا، ایران در جدول ۲ قابل مشاهده می‌باشد. بیشترین تعداد رکورد (۸۶۱۳) در بین صفات تشکیل دهنده سازه تولیدی مربوط به صفت تولید شیر بود و برای دیگر صفات تولیدی تعداد رکوردها نزدیک به هم بودند. ضریب تغییرات صفات تولیدی همگی در حد مطلوبی قرار داشت (۲۱ الی ۲۵ درصد). در کل با توجه به ضریب تغییرات تنوع بالای مشاهده شده برای صفت تولیدی (تولید شیر و درصد چربی) و مقدار متوسط ضریب تغییرات برای صفت درصد پروتئین نمایانگر مطلوبیت این صفات برای پژوهش‌های ژنتیکی و ژنومیکی در اصلاح نژاد گاوهای شیری هلشتاین ایران بودند.

1- https://www.smartpls.com

[DOR: 20.1001.1.22518622.1399.11.30.15.7]
[DOI: 10.52547/rap.11.30.134]

جدول ۲- آمار توصیفی سازه‌های تولیدی، تولید مثلی و ماندگاری در گاوداری صنعتی فکا
Table 2. Descriptive statistics of production, reproduction and longevity constructs in Foka herd enterprise

صفات	تعداد	میانگین	کمینه	بیشینه	انحراف معیار	اشتباه معیار	ضریب تغییرات
سازه تولیدی							
تولید شیر تصحیح شده	۸۶۱۳	۹۴۸۱	۱۲۲۸	۱۳۹۸۷	۲۰۰۷	۲۱	۲۱
تولید چربی تصحیح شده	۸۵۸۳	۲۶۵	۱۰۲	۴۹۷	۶۶	۰/۷۱	۲۴
تولید پروتئین تصحیح شده	۶۸۳۹	۲۵۶	۱۲۲	۴۶۴	۶۵	۰/۷۹	۲۵
سازه تولیدمثلی (روز)							
سن در نخستین زایش	۸۷۱۷	۱۱۴۰	۹۲۰	۱۳۰۰	۷۰	۰/۷۵	۱۶
فاصله زایش	۸۷۱۴	۳۹۰	۳۰۰	۱۰۴۹	۱۲۳	۱/۳۲	۳۱
روزهای باز	۸۷۳۳	۱۱۳	۴۰	۳۰۰	۵۹	۰/۶۳	۵۲
سازه ماندگاری (روز)							
طول عمر در گله	۷۲۰۰	۲۰۵۳	۷۳۲	۳۵۰۰	۵۸۳	۶/۸۷	۲۸
طول عمر تولید	۷۲۰۰	۲۲۲	۴	۱۱۶۸	۹۰	۲/۰۴	۴۰

میانگین صفت سن اولین زایش در پژوهش حاضر ۱۱۴۰ روز یا ۳۸ ماه بالاتر از تحقیق نافذ و همکاران (۲۹) ۲۷/۵ ماه، چوکانی و همکاران (۹) ۲۵ ماه، شهدادی و همکاران (۴۱) ۲۶ ماه، بیطرف ثانی و همکاران (۵) ماه، سلیمانی باغشاه و همکاران (۴۲) ۲۵ ماه، شیر مرادی و همکاران (۴۰) ۲۹ ماه، فیداله و همکاران (۱۴) ۳۰ ماه، عبدالقادر و همکاران (۱) ۲۹ ماه، و پایین‌تر از مقادیر میانگین حاصل توسط گوشو و همکاران (۲۳) ۳۹ ماه، اولها مگنابوسکو و همکاران (۴۳) ۴۰ ماه بود. ضریب تغییرات برای صفت سن اولین زایش ۱۶ که بالاتر از برآورد نافذ و همکاران (۲۹)، چوکانی و همکاران (۹) و شهدادی و همکاران (۴۱) (به ترتیب ۱۲ و ۱۰) به دست آمد و پایین‌تر از مقادیر برآورد شده توسط گوشو و همکاران ۲۵ بود (۲۳). میانگین صفت فاصله زایش ۳۹۰ پایین‌تر از مقدار محاسبه شده توسط نافذ و همکاران (۲۹) ۴۱۵ ، گوشو و همکاران (۲۳) ۴۰۰، قیاسی و همکاران (۲۰) ۳۹۴، چوکانی و همکاران (۹) ۴۰۰، نافذ و همکاران (۲۹) ۳۹۱، فو و همکاران (۱۸) ۳۹۲، گوا و همکاران (۲۴) ۳۹۷، فرجی آرق و همکاران (۱۵) ۴۲۵، عبدالقادر و همکاران (۱) ۴۳۵، گوشو و همکاران (۲۳) ۵۲۱، اولها مگنابوسکو و همکاران (۴۳) ۴۳۴ و سلیمانی باغشاه و همکاران (۴۲) ۴۰۶ و بالاتر از مقادیر محاسبه شده توسط شهدادی و همکاران (۴۱) ۳۷۵ روز، شیرمرادی و همکاران (۴۰) ۳۶۸، آقاجاری و همکاران (۲) ۳۸۶ بود با این‌حال ضریب تغییرات برای صفت فاصله زایش در این پژوهش (۳۱ درصد) بالاتر از مقادیر برآورد شده توسط شهدادی و همکاران (۴۱) ۱۲، پوزوه و همکاران (۳۶) ۱۶، فو و همکاران ۱۹ بود (۱۸). مقدار میانگین حاصل برای صفت روزهای باز ۱۱۳ با انحراف معیار ۵۹، اشتباه معیار ۰/۶۳ و ضریب تغییرات ۵۲ بدست آمد. میانگین روزهای باز برابر با مقدار برآورد شده توسط زینک و همکاران (۴) ۱۱۳ بود و پایین‌تر از مقادیر حاصل توسط گونزالس ریچیو (۲۲) ۱۱۷، معتمدی و همکاران (۲۷) ۱۱۴ و شیرمرادی و همکاران (۴۰) ۱۱۸، عبدالقادر و همکاران (۱) ۱۶۷، گوا و همکاران (۲۴) ۱۱۸، فرجی آرق و همکاران (۱۵) ۱۳۱، فیداله و همکاران (۱۴) ۱۵۷، پوزوه و همکاران (۳۶) ۱۲۴ بود و بالاتر از مقادیر میانگین برآورد شده توسط سلیمانی باغشاه و همکاران (۴۲) ۱۰۹، اولها مگنابوسکو و همکاران (۴۳) ۱۰۰، آقاجاری و همکاران (۲) ۱۰۸، شهدادی و همکاران (۴۱) ۹۵، بیطرف ثانی و همکاران (۵) ۱۱۱ بود. با در نظر گرفتن صفت حذف غیر اختیاری و صفت ماندگاری برای هر فرد تنها یک بار در طول عمر آن فرد محاسبه می‌شود. بنابراین انتظار می‌رود تعداد رکوردهای سازه ماندگاری (۷۲۰۰) نسبت به صفاتی مانند تولید شیر (۸۶۱۳) و سن نخستین زایش (۸۷۱۷) کمتر باشد. با توجه به فرمول و نوع محاسبه برای صفات طول عمر گله و طول عمر تولیدی انتظار می‌رود که صفت طول عمر گله دارای مقادیر برآوردی بیشتری از میانگین فنوتیپی (۲۰۵۳) به نسبت طول عمر تولیدی (۲۲۲) داشته باشد. مقدار انحراف معیار برای صفات طول عمر گله و طول عمر تولیدی به ترتیب ۵۸۳ و ۹۰ بود. با این‌حال مقادیر خیلی بالایی از ضریب تغییرات برای صفات تشکیل دهنده سازه ماندگاری از جمله صفات طول عمر تولیدی و طول عمر در گله (۲۸ درصد و ۴۰ درصد) مشاهده شد. میزان بالای ضریب تغییرات فنوتیپی نمایانگر مطلوبیت صفات فوق برای ارزیابی‌های ژنتیکی صفات فوق بود. دامنه بالای صفات عملکردی مورد پژوهش حاکی از آن است که حیوانات ممکن است دو هفته پس از زایش حذف شده‌اند و یا حتی بیش از هشت سال در گله باقی مانده‌اند. البته این در صورتی می‌تواند رخ دهد که حیوانات دارای چرخه تولیدمثلی منظم، بازگشت به فحلی سریع و نرخ پایین تلقیح به ازای آبستنی باشند تا حیوان از گزند عوامل حذف به دور بوده و میزان تولیدات در صفات ماندگاری گاودار را راضی نگه‌داشته باشد. میزان بالا بودن دامنه و ضریب تغییرات صفات ماندگاری در این تحقیق بیانگر میزان حساس بودن این صفات به سطوح مدیریتی در سال‌ها و شرایط مختلف بود.

میانگین حداقل مربعات اثرات ثابت

در جدول ۳ میانگین حداقل مربعات صفات تشکیل‌دهنده سازه‌های تولیدی، تولید مثلی و عملکردی مورد بررسی قابل مشاهده می‌باشد. به دلیل تعدد بالای سطوح سال‌های مورد بررسی برای تمامی صفات از ارائه مقادیر میانگین حداقل مربعات برای هر سطح سال زایش و فصل زایش اجتناب می‌شود. با توجه به معنی‌داری اثر متقابل فصل× سال زایش برای تمامی صفات مورد بررسی، برای ارزیابی‌های ژنتیکی اثر نامبرده مورد بررسی قرار گرفت.

[DOR: 20.1001.1.22518622.1399.11.30.15.7]
[DOI: 10.52547/rap.11.30.134]

جدول ۳ - اثرات معنی‌دار بر روی صفات مورد بررسی در گله گاوهای هلشتاین گاوداری صنعتی فکا
Table 3. Significant effects on studied traits of dairy cattle in Foka herd

اثرات / صفت	شکم زایش	سال زایش	فصل زایش	سال× فصل زایش
	میانگین حداقل مربعات اثرات مورد بررسی			
تولید شیر تصحیح شده	--	۵۳۹۹۸۹۳۴**	۹۴۵۳۷۳۷۵۶**	۵۲۲۱۷۵۲**
تولید چربی تصحیح شده	---	۱۲۸۷۵۷۱۱**	۱۴۹۵۶**	۳۳۵۷۶**
تولید پروتئین تصحیح شده	---	۷۴۷۳۰۴**	۲۶۲۹۳**	۳۶۳۳۳**
سن نخستین زایش	--	۱۹۵۱۲۳**	۵۳۳۸۴**	۸۱۲۷**
فاصله زایش	--	۵۴۰۰۱**	۸۹۹۵۰**	۳۰۸۲۵**
روزهای باز	--	۳۴۱۸۰**	۶۵۱۵۹**	۹۱۷۷**
طول عمر گله	۶۵۱۲۷۷**	۲۱۷۳۰۴۵**	۷۲۵۸۹۴**	۴۲۲۵۷۲**
طول عمر تولیدی	۵۵۱۳۲۴**	۳۱۲۲۶۸**	۱۳۴۷**	۳۲۶۷۱**

**: تفاوت معنی‌دار در سطح ۰/۰۱ (p<۰/۰۱).

برآورد مولفه‌های واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی

در جدول ۴ نتایج برآورد مولفه‌های واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی صفات مورد بررسی گاوهای هلشتاین گاوداری صنعتی فکا با استفاده از مدل حیوانی تک صفتی قابل مشاهده است.

جدول ۴ - برآورد مولفه های واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی صفات مورد بررسی با استفاده از مدل حیوانی تک صفتی
Table 4. Prediction of genetic components and parameters of the studied traits using single-trait animal model

صفات مورد بررسی	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h_a^2
تولید شیر تصحیح شده	۲۵۶۶ (۸۲۰)	۴۵۵۰ (۱۲۱۰)	۷۱۱۶ (۹۶۵)	۰/۳۶(۰/۰۱)
تولید چربی تصحیح شده	۶۰۵(۱۱۲)	۴۷۷ (۱۴۵)	۱۰۸۲ (۳۲۱)	۰/۵۵(۰/۰۳)
تولید پروتئین تصحیح شده	۵۳۹(۶۴)	۴۱۹ (۱۲۳)	۹۵۸ (۲۰۱)	۰/۵۶(۰/۰۲)
سن در نخستین زایش	۹۱۵(۵۲)	۳۵۷۳ (۱۱۱۰)	۴۴۸۸ (۱۰۰۱)	۰/۲۵(۰/۰۰۱)
فاصله زایش	۲۶۰(۰/۱)	۸۲۰ (۲۱۰)	۱۰۸۰ (۵۲۰)	۰/۲۴(۰/۰۰۲)
روزهای باز	۸۱ (۰/۱)	۱۰۲۱ (۶۴۲)	۱۱۰۲ (۵۰۲)	۰/۰۷ (۰/۰۱)
طول عمر گله	۴۳۹۳ (۱۱۰۰)	۵۸۱۲۸ (۶۲۴۱)	۶۲۵۲۱ (۱۲۳۴۶)	۰/۰۷ (۰/۱)
طول عمر تولید	۳۰۶ (۱۰۱)	۲۷۳۲۰ (۲۷۲۱)	۲۷۶۲۶ (۵۴۲۱)	۰/۰۱۱ (۰/۰۰۱)

مقدار وراثت پذیری برای صفت تولید شیر ۰/۳۶ بدست آمد که بالاتر از مقادیر وراثت‌پذیری برآورد شده ۰/۲۸۱ توسط اسداللهی و حسین زاده (۳) رکورد تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران طی سالهای ۱۳۹۰-۱۳۷۲ و معتمدی و همکاران (۲۷) ۰/۲۸۶ بود. هم‌چنین از مقادیر گزارش شده ۰/۲ توسط زینک و همکاران (۴) در گاوهای هلشتاین جمهوری چک و گزارش عبدالقادر و همکاران (۱) ۰/۱۳ در گاوهای هلشتاین سودانی بیشتر بود. مقدار وراثت پذیری برآورد شده برای صفت تولید چربی ۰/۵۵ بدست آمد که بالاتر از مقادیر گزارش‌شده توسط اسداللهی و همکاران (۳) ۰/۳۳ و زینک و همکاران (۴) ۰/۲۱ بود. دلایل زیادی می‌تواند منجر به برآورد شدن متفاوت وراثت‌پذیری یک صفت در پژوهش‌های متفاوت باشد، از جمله می‌توان به نوع برآوردکننده آماری به کار رفته برای برآورد وراثت‌پذیری (بیزین، درستنمایی، حداقل مربعات، جیمز- اشتاین)، جریان ژن (پیچیدگی شجره و تعداد نسل)، معماری ژنتیکی صفت مورد بررسی (اینکه صفت تحت تاثیر اثرات افزایشی، غیر افزایشی، اپیستاسیس باشد یا نه)، وجود یا عدم وجود انتخاب در جمعیت و اندازه نمونه اشاره کرد.
مقادیر مشابهی از وراثت‌پذیری برای صفت تولید پروتئین شیر ۰/۵۶ مشاهده شد که بالاتر از مقادیر گزارش شده توسط زینک و همکاران (۴) ۰/۲۳ بود. بیشتر تحقیقات انجام گرفته روی فراسنجه‌های ژنتیکی صفات تولید مثلی در گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل چند صفتی انجام شده است.

با این‌حال گزارش‌هایی از برآورد فراسنجه‌ها با استفاده از مدل تک صفتی موجود می‌باشد اولها مگنابوسکو و همکاران (۴۳)، فرجی آرق و همکاران (۱۵)، مداحی و همکاران (۲۶)، چوکانی و همکاران (۹)، سلیمانی باغشاه و همکاران (۴۲)، A عبدالقادر و همکاران (۱) و گوشو و همکاران (۲۳). برای صفت سن اولین زایش مقادیر واریانس ژنتیکی ۹۱۵ و فنوتیپی ۴۴۸۸ برآورد شد و این مقادیر بیانگر اختصاص سهم بالایی از واریانس فنوتیپی این صفت به واریانس خطا ۳۵۷۳ می‌باشد که مقدار واریانس خطا حدوداً ۳/۹ برابر واریانس ژنتیکی افزایش بود. این روند باعث شد مقدار وراثت پذیری گزارش شده برای این صفت در محدوده پایینی ۰/۲۴ مشاهده شود. که بالاتر از مقادیر وراثت پذیری برآورد شده توسط فرجی آرق و همکاران (۱۵) ۰/۱۹، سلیمانی باغشاه و همکاران (۴۲) ۰/۱۹، مداحی و همکاران (۲۶) ۰/۲۲، چوکانی و همکاران (۹) ۰/۱۴، عبدالقادر و همکاران (۱) ۰/۰۹ و پایین‌تر از نتایج اولها مگنابوسکو و همکاران (۴۳) ۰/۳۶ و گوشو و همکاران (۲۳) ۰/۵۶ بود. مقدار واریانس ژنتیکی و واریانس فنوتی پی و وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت فاصله زایش به ترتیب ۲۶۰، ۱۰۸۰ و ۰/۲۴ برآورد شد. میزان وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت فاصله زایش بالاتر از مقادیر گزارش‌شده توسط فرجی آرق و همکاران (۱۵) ۰/۰۵۶ ، اسدالهی و حسین زاده (۳) ۰/۰۶۰، معتمدی و همکاران (۲۷) ۰/۰۵۹، سلیمانی باغشاه و همکاران (۴۲) ۰/۰۶، فرجی آرق و همکاران (۱۵)

۰/۰۴ و پایین‌تر از مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده ۰/۲۸ توسط گوشو و همکاران (۲۳) در گاوهای شکم زایش اول هلشتاین در کشور اتیوپی بود. مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت روزهای باز ۰/۰۷که این میزان پایین‌تر از مقادیر گزارش شده توسط معتمدی و همکاران (۲۷) ۰/۰۸، فرجی آرق و همکاران (۱۵) ۰/۰۹ در گاوهای سیستانی و عبدالقادر و همکاران (۱) ۰/۵۱ در گاوهای هلشتاین منطقه گرمسیری سودان بود. هم‌چنین مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت روزهای باز بالاتر از مقادیر برآورد شده توسط سلیمانی باغشاه و همکاران (۴۲) ۰/۰۴۱ در گاوهای هلشتاین استان اصفهان و مقدار برآورد شده ۰/۰۳ توسط زینک و همکاران (۴۷) در شکم زایش اول گاوهای هلشتاین کشور چک بود. گرچه اختلاف‌هایی در برآورد وراثت‌پذیری صفت روزهای باز در پژوهش‌های متفاوت دیده می‌شود، اما همانگونه که مورد انتظار است، وراثت‌پذیری صفت یاد شده در تمامی پژوهش‌ها بسیار کم گزارش شده است. نشان داده شده است که تحلیل تک متغیره و یا چند متغیره به کار رفته می‌تواند در برآوردهای این صفت اثر گذار باشد (۳۱). همان‌گونه که مشاهده می‌شود مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفات عملکردی طول عمر در گله و طول عمر تولیدی به ترتیب ۰/۰۷ و ۰/۰۱۱ برآورد شدند. مقدار پایین وراثت‌پذیری برآورد شده صفات عملکردی نمایانگر تاثیر زیاد عوامل محیطی بر بروز فنوتیپی صفات است. علاوه بر این مقدار کم تأثیرپذیری ژنتیکی این صفت را می‌توان از نسبت کم واریانس ژنتیکی به فنوتیپی در مقایسه با نسبت واریانس خطا به فنوتیپی تشخیص داد. وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفات طول عمر تولیدی در مقایسه با صفت طول عمر گله بالاتر بدست آمد. در این راستا به دلیل درنظر گرفتن همبستگی ژنتیکی بین صفات از آنالیزهای چندصفتی استفاده شد. یکی از دلایل پایین بودن وراثت‌پذیری صفات ماندگاری تاثیر زیاد عوامل محیطی و مدیریت گله‌ها (به‌ویژه در حذف دام‌ها) بر این صفات می‌باشد. همان‌طور که مشاهده شد صفت سن اولین زایش و فاصله زایش دارای بیشترین مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده (۰/۲۵ و ۰/۲۴ به ترتیب) به نسبت سایر صفات تولیدمثلی بود. هم‌چنین مقادیر وراثت‌پذیری برآورد شده برای تمامی صفات به جزء صفت روزهای باز بالا بود که نشان دهنده اهمیت قابل توجه اثرات ژنتیکی افزایشی در کنترل سن اولین زایش و فاصله زایش به نسبت سایر صفات تولید مثلی مورد بررسی بود. ضمنا با توجه به کم بودن وراثت‌پذیری‌های برآورد شده برای تمامی صفات تولید مثلی در مقایسه با سایر صفات، انتخاب بر اساس آن‌ها نمی‌تواند در تغییر میانگین شان موثر واقع شود. مدیریت تغذیه گوساله‌ها از عوامل مدیریتی موثر در سن اولین زایش می‌باشد، زیرا تغذیه نامناسب گوساله‌ها می‌تواند با تاخیر در بلوغ و عدم رشد پستان‌ها، مشکلات تولیدمثلی در آینده به همراه داشته باشد. هم‌چنین باید توجه داشت بلوغ زودرس نیز می‌تواند باعث مشکلات تولید مثلی هم‌چون عفونت رحم، جفت ماندگی و سخت‌زایی شود. به‌طور کلی، وراثت پذیری تولید شیر نشان می‌دهد می‌توان با انتخاب دام‌های با ظرفیت ژنتیکی بیشتر و حذف دام‌های با ظرفیت ژنتیکی کمتر، مقدار تولید شیر را افزایش داد. اختلاف بین برآورد وراثت‌پذیری تولید شیر در مطالعات مختلف می‌تواند به دلیل عوامل متعددی نظیر تفاوت در سطح تولید گله، تنوع محیطی، مدیریت گله، مدل آماری مورد استفاده، روش برآورد اجزای واریانس و کواریانس و نحوه ویرایش داده‌ها باشد. هم‌چنین انتخاب‌های انجام شده در طی سالیان متمادی می‌تواند سبب تغییر در مؤلفه‌های واریانس شده باشد. وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفات تولیدی نشان می‌دهد که این صفات، پاسخ مناسبی را به برنامه‌های انتخاب از خود نشان می‌دهند. هم‌چنین برآورد وراثت‌پذیری پایین برای صفات تولید مثلی نشان می‌دهد که تنوع محیطی بخش زیادی از واریانس فنوتیپی را به خود اختصاص داده است و این صفات پاسخ مناسبی را به برنامه‌های انتخاب از خود نشان نمی‌دهند. بنابراین انتظار می‌رود که جهت بهبود این صفات، سازه‌های غیر ژنتیکی نظیر مدیریت و محیط تولید حیوانات بهبود یابد.

همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات درون هر صفت ژنتیکی پنهان

در جدول ۵ نتایج حاصل از برآورد وراثت پذیری و همبستگی ژنتیکی داخل سازه پنهان ژنتیکی تولیدی، تولید مثلی و ماندگاری با استفاده از تجزیه‌وتحلیل‌های چندصفتی ارائه شده است. لازم به ذکر است از تجزیه و تحلیل‌های سه صفتی برای صفات تولیدی (تولید شیر، تولید چربی و تولید پروتئین) و برای صفات تولید مثلی (سن نخستین زایش، فاصله زایش و روزهای باز) و از تجزیه‌وتحلیل دو صفتی برای برآورد همبستگی ژنتیکی بین صفات ماندگاری (طول عمر در گله و طول در عمر تولید) استفاده شده است.

جدول ۵ – برآورد همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد بررسی با استفاده از مدل‌های دو و سه صفتی

Table 5. Prediction of genetic and phenotypic correlation of studied traits using two, three- traits animal models

صفت اول	صفت دوم	همبستگی ژنتیکی	وراثت‌پذیری صفت اول	وراثت‌پذیری صفت دوم
تولید شیر تصحیح شده	چربی تصحیح شده	۰/۸۷− (۰/۲۰۶)	۰/۲۱ (۰/۰۰۴)	۰/۵۲(۰/۰۴۳)
تولید شیر تصحیح شده	پروتئین تصحیح شده	۰/۰۶− (۰/۰۱۱)	۰/۲۱ (۰/۰۰۴)	۰/۴۲(۰/۰۲۳)
چربی تصحیح شده	پروتئین تصحیح شده	۰/۰۰۲−(۰/۰۲۳)	۰/۵۲(۰/۰۴۳)	۰/۴۲(۰/۰۲۳)
سن نخستین زایش	فاصله زایش	۰/۰۰۱−(۰/۰۴۳)	۰/۴۸(۰/۱۱۹)	۰/۳۸(۰/۴۱۶)
سن نخستین زایش	روزهای باز	۰/۰۰۴−(۰/۰۴۱)	۰/۴۸(۰/۱۱۹)	۰/۰۸(۰/۱۶۲)
فاصله زایش	روزهای باز	۰/۷۲(۰/۰۲۲)	۰/۳۸(۰/۴۱۶)	۰/۰۸(۰/۱۶۲)
طول عمر تولیدی	طول عمر در گله	۰/۹۸(۰/۰۵۱)	۰/۰۴(۰/۰۸۸)	۰/۰۵(۰/۰۴۱)

دامنه همبستگی‌های ژنتیکی برآورد شده برای صفات تولیدی منفی و خیلی ضعیف (۰/۰۰۲− برای صفات تولید پروتئین– تولید چربی) تا رابطه ژنتیکی منفی و خیلی قوی (۰/۸۷− برای صفات تولید شیر– تولید چربی) در نوسان بود. با توجه به نتایج

[DOR: 20.1001.1.22518622.1399.11.30.15.7]
[DOI: 10.52547/rap.11.30.134]

حاصل انتظار می‌رفت در گاوهای هلشتاین گاوداری صنعتی فکا با افزایش تولید شیر، تولید مقدار چربی شیر به مقدار قابل توجهی کاهش یابد. بنابراین می‌بایست در انتخاب صفت تولید شیر به عنوان تنها عامل افزایش تولید شیر در گله توجه خاصی داشت و به محاسبه و نحوه تاثیر سایر صفات از سازه‌های ماندگاری و تولید مثلی نیز همت گماشت. نافذ و همکاران (۲۹) با بررسی ژنتیکی صفات تولیدی و تولید مثلی گاوهای هلشتاین ایران طی سال‌های ۱۳۸۶-۱۳۶۷ و با استفاده از مدل چند صفتی توانستند همبستگی ژنتیکی بین صفات تولید شیر- چربی را بسیار بالا و مثبت برآورد نمایند (۰/۹۶) که با میزان و جهت به دست آمده برای همبستگی ژنتیکی صفات فوق در این پژوهش کاملا مغایرت داشت. میزان ارتباط ژنتیکی صفات تولید شیر- چربی، تولید شیر- پروتئین و چربی-پروتئین در پژوهش شهدادی و همکاران (۴۱) به ترتیب ۰/۵۲-، ۰/۵۰- و ۰/۷۴ برآورد شد که دو مورد اول با نتایج تحقیق حاضر مطابقت داشت و بیانگر رابطه ژنتیکی ضعیف بین صفات چربی-پروتئین و رابطه منفی بین افزایش ژنتیکی تولید شیر و چربی و پروتئین بود. به‌طور کلی ارتباط ژنتیکی نامطلوبی بین تولید شیر با صفاتی از قبیل چربی و پروتئین وجود دارد. از این‌رو انتخاب یک طرفه به منظور افزایش تولید شیر سبب افزایش میزان آب شیر نسبت به ترکیبات سازنده شیر خواهد شد. در نتیجه هم‌زمان با افزایش آب موجود در شیر، درصد چربی و درصد پروتئین نیز کاهش می‌یابد. با توجه به همبستگی ژنتیکی منفی و پایین بین صفات تولید چربی و پروتئین نتیجه‌گیری می‌شود انتخاب گاوهایی با تولید چربی شیر بیشتر می‌تواند سبب کاهش اندکی در تولید پروتئین شیر شود. همبستگی ژنتیکی بین صفات تولید مثلی ۰/۰۰۱- (سن نخستین زایش- فاصله زایش) تا ۰/۷۲ (فاصله گوساله‌زایی- روز باز) در نوسان بود که با میزان همبستگی ژنتیکی بدست آمده توسط زلک و همکاران (۴۶) در گاوهای هلشتاین کشور اتیوپی طی سال‌های ۲۰۱۲-۱۹۹۹ برای صفات نامبرده مطابقت داشت. همبستگی ژنتیکی خیلی ضعیف و منفی بین صفات سن اولین زایش- فاصله زایش مشاهده شد. این همبستگی برآورد شده بین این دو صفت بیانگر آن است که انتخاب بر اساس سن زایش پایین می‌تواند منجر به کاهش فاصله زایش در گاوهای هلشتاین گاوداری صنعتی فکا گردد. البته باید به این نکته اشاره کرد که پایین‌تر آمدن سن اولین زایش از مقدار مشخصی ممکن است منجر به بروز سخت‌زایی شود. هم‌چنین ارتباط ژنتیکی ضعیفی (۰/۰۰۴-) بین صفات سن اولین زایش- روزهای باز مشاهده شد. شیرمرادی و همکاران (۴۰) رابطه ژنتیکی بین صفات سن اولین زایش و فاصله زایش را کم و منفی برآورد نمود که با نتایج این پژوهش مطابقت داشت. همبستگی ژنتیکی برآورد شده در گاوهای هلشتاین اسپانیا برای صفات فاصله زایش- روز باز (۰/۹۹) در تحقیق گونزالس ریچیو (۲۲) با تحقیق حاضر مطابقت داشت. اولها مگنابوسکو و همکاران (۴۳) با بررسی بر روی صفات تولیدمثلی گاوهای نلور در مناطق گرمسیری برزیل میزان همبستگی ژنتیکی بدست آمده برای صفات سن اولین زایش- فاصله زایش و سن اولین زایش -روزهای باز را به‌ترتیب ۰/۲۰ و ۰/۱۱ به دست آوردند که با نتایج تحقیق حاضر مغایرت داشت. همچنین آن‌ها میزان همبستگی ژنتیکی بین صفات فاصله-روز باز را ۰/۹۲ برآورد نمودند که با همبستگی‌های ژنتیکی بدست آمده برای صفات نامبرده در این پژوهش همخوانی داشت. میزان همبستگی ژنتیکی بدست آمده برای صفات سن اولین زایش- روزهای باز در تحقیق فیداله و همکاران (۱۴) بر روی گاوهای هلشتاین در کشور مصر بالا ۰/۷۲۵ و در تحقیق شهدادی و همکاران (۴۱) ۰/۰۷ پایین برآورد شد. در تحقیق شهدادی و همکاران (۴۱) مثبت و ضعیف ۰/۰۷ برآورد شد. رابطه ژنتیکی بین صفات فاصله زایش- روز باز در تحقیق گوا و همکاران (۲۴) ۰/۹۹ و شهدادی و همکاران (۴۱) ۰/۸۸ نیز بالا برآورد شد و نزدیک به پژوهش ما ۰/۷۲ بود. در پژوهش فرجی آرق و همکاران (۱۵) همبستگی ژنتیکی صفات فاصله زایش- روز باز (۰/۹۷) را برآورد نمودند. بنابراین لازم است در انتخاب مولدهای نر و ماده لازم است افرادی انتخاب شوند که علاوه بر ارزش ارثی بالا برای تولید شیر همزمان برای صفات تولیدمثلی و عملکردی نیز ارزش ارثی مطلوبی داشته باشند. در کل میزان وراثت‌پذیری‌های برآورد شده برای صفات ماندگاری در حد پایینی برآورد شدند. وراثت‌پذیری از یک جمعیت به جمعیت دیگر متفاوت است این امر می‌تواند به دلیل تفاوت در مدیریت و ظرفیت ژنتیکی حیوانات باشد. وراثت‌پذیری مربوط به صفات تولید و تولید مثلی با سطح تولید گله‌ها تغییر می‌یابد. در مجموع پایین بودن وراثت پذیری صفات تشکیل دهنده سازه تولید مثلی بیانگر این امر است که سهم عمده‌ای از تفاوت فنوتیپی موجود برای هر صفت در بین جمعیت گاوهای هلشتاین ناشی از تفاوت‌های محیطی بین آن‌ها می‌باشد (۲۰).

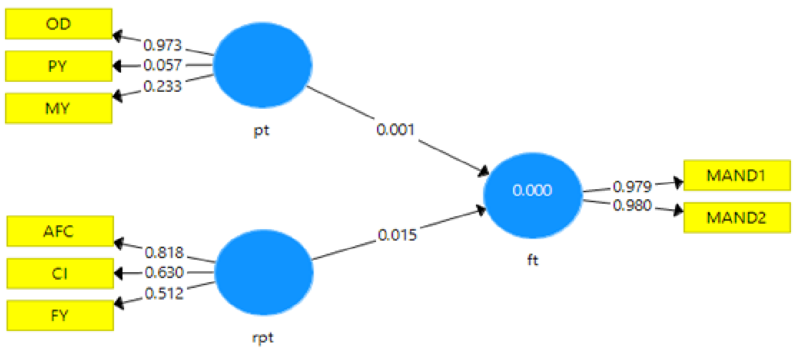
به منظور افزایش عملکرد تولیدمثل و باروری گاوهای ماده، توجه عمده به بهبود شرایط محیطی پرورش نظیر تشخیص بهنگام فحلی، توجه به بهداشت گله و نیز تغذیه بهتر دام‌ها یک امر ضروری به نظر می‌رسد. در کل دلیل بیشتر بودن وراثت پذیری صفت طول عمر تولیدی نسبت به صفات طول عمر گله، می‌تواند شاید به علت افزایش سهم واریانس ژنتیکی نسبت به عوامل محیطی بر ماندگاری به دلیل تصحیح صفت تولید شیر باشد. گاوهای بالغ شیر بیشتری نسبت به گاوهای جوان تولید می‌کنند و به عبارتی با افزایش میانگین سن گله (تا محدوده خاصی) تولید افزایش می‌یابد و با افزایش طول عمر تولیدی از سه دوره به چهار دوره شیردهی، سود سالیانه ۱۳ تا ۱۸ درصد افزایش می‌یابد (۲۹). طول عمر بالاتر دامدار را قادر خواهد ساخت تا بتواند نتاج بیشتری از حیوانات با تولید بالاتر داشته باشد و بتواند بهترین‌ها را با شدت انتخاب بالا انتخاب کند. در این پژوهش برای برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی از روش بیز استفاده شد. علیرغم تمامی محاسن برآورد به روش بیزی دو مانع اصلی وجود دارد، اول اینکه اطلاعات قبلی مربوط به پارامترها در غالب موارد مبهم‌اند و از نظر ریاضی این امکان وجود ندارد که این اطلاعات بدون اضافه نمودن فرض‌های دیگری که نمی‌توانند مشخص شوند در قالب توابع توزیع آماری، ارایه شوند و مانع دوم دربرگیرنده‌ی

[DOR: 20.1001.1.22518622.1399.11.30.15.7]
[DOI: 10.52547/rap.11.30.134]

این حقیقت است که اگر عملیات تجزیه شامل رکوردهای زیادی باشد در این صورت، تابع درستنمایی تمایل به اضمحلال توزیع پیشین دارد. یکی از مزایا روش‌شناسی این است که علاوه بر اینکه می‌توان دقت استنباط پارامترهای ژنتیکی را از گسترش توزیعات حاشیه‌ای تشخیص داد، از معیارهای استنباط دقتی هم‌چون بالاترین چگالی پیشین (HPD95%) نیز می‌توان استفاده نمود. روند بیزی‌گراها با روند فراوانی‌گراها فرق دارد، چون ارزش ارثی برآورد شده به مؤلفه‌های واریانس قبلی بستگی دارد در روش بیزی تمامی اطلاعات پاسخ به انتخاب در توزیع پسین حاشیه‌ای موجود است لذا یک استنباط بیزی کامل مورد نیاز است .

نتایج مدل‌سازی معادلات ساختاری

نوع و یا شکل مدل‌های SEM بکار رفته برای ایجاد رابطه علّی بین سازه پنهان ژنتیکی در این پژوهش در نمودارهای ۱ تا ۴ نشان داده شده است. نتایج برارزش هر مدل SEM در دو جدول ارایه شده است. در این جداول SRMR[1] ریشه مربعات خطای استاندارد شده (ریشه میانگین پسماند)، d_ULS[2] مربع فاصله اقلیدسی، d_G[3] فاصله ژئودزی، NFI[4] شاخص برازش هنجار شده، chi-Square مربع خی و rho_A که برای قابلیت اطمینان کامپوزیت در مدل است. برای بررسی و آزمون روابط بین سازه‌های پنهان ژنتیکی در این تحقیق از مدل نظری زیر استفاده شده است و محققین به دنبال بررسی این موضوع هستند که داده های تجربی گردآوری شده تا چه اندازه با مدل نظری این تحقیق هماهنگی دارند. این قدرت SEM است که امکان تطابق یک مدل نظری (که معمولا در ذهن پژوهشگر است) با داده‌های حاصل از پژوهش را فراهم می‌کند. در مدل‌های SEM، علایم ft، pt و rpt به ترتیب نشان‌دهنده سازه پنهان ژنتیکی ماندگاری، تولیدی و تولید مثلی می‌باشد. از آنجایی که این سازه به عنوان عوامل پنهان اندازه‌گیری شده‌اند در مدل‌ها با نماد دایره نشان داده شده‌اند و معرف‌های اندازه گیری آن‌ها (که در اینجا صفات تشکیل دهنده این سازه‌ها هستند) که مستقیما مورد سنجش قرار گرفته‌اند و متغیر آشکار هستند با نماد مستطیل آورده شده‌اند. همانطور که مشاهده می‌شود از پیکان‌های یک سویه برای نشان دادن روابط ساختاری متغیرهای درون مدل استفاده شده است.



شکل۱ – نمایش گرافیکی مدل SEM برازش یافته که در آن سازه تولید مثلی (rpt) و سازه تولیدی(pt) روی سازه ماندگاری(ft) اثر علّی دارند.
Figure 1. Representation of graphical fitted SEM in which reproduction construct (rpt) and production construct (pt) have causal effect on longevity (ft)

شکل ۱ نمایش‌دهنده مدل SEM وقتی که سازه‌های پنهان ژنتیکی pt و rpt هریک جداگانه روی سازه پنهان ژنتیکی ft اثر علّی را ازخود نشان می‌دهند، می‌باشد. خروجی محاسبات مدل فوق نشان از عدم برازش مناسب مدل (مقدار RMSR برابر با ۰/۱۴۴) دارد. ضمن اینکه بار عاملی بسیار پایین معرف PY (صفت تولید پروتئین) در اندازه‌گیری سازه پنهان ژنتیکی pt و نیز سطح بسیار پایین ضریب آلفای کرونباخ (به میزان ۰/۰۱۹) نشان می‌دهد که معرف مذکور شاخص مناسبی برای سنجش سازه پنهان ژنتیکی pt نیست. از اینرو در مدل‌سازی بعدی سعی شد که با حذف PY و انجام اصلاحات به برازش مناسب‌تری از مدل برسیم. جداول ۶ و ۷ معیارهای برازش بیشتری را برای مدل ۱ نشان می‌دهند.

1- Standardised Root Mean Residual   2- Squared Euclidean Distance   3- Geodesic Distance   4- Normed Fit Index (NFI)

[DOR: 20.1001.1.22518622.1399.11.30.15.7]
[DOI: 10.52547/rap.11.30.134]

جدول ۶ – میعارهای برازش برای مدل ۱ و مقادیر آن

Table 6. Fitted criteria for model 1 and its values

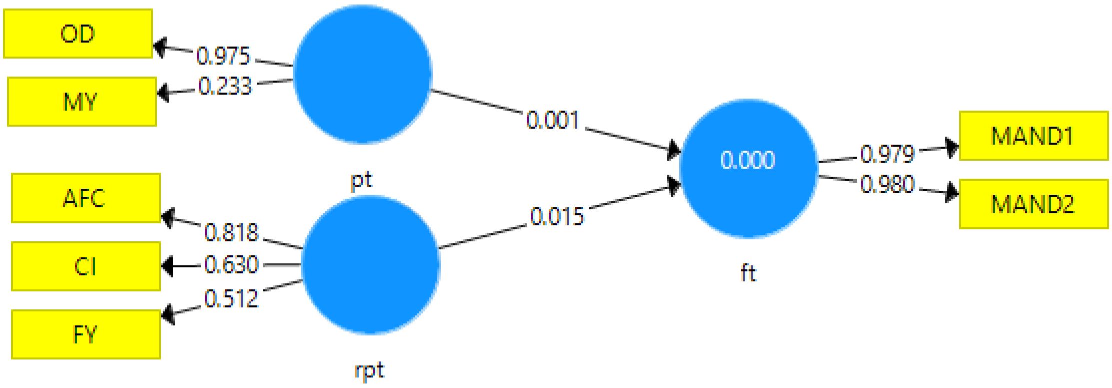
معیار	مدل اشباع	مدل برآورد
SRMR	۰/۱۴۴	۰/۱۴۴
d_ULS	۰/۷۴۸	۰/۷۴۸
d_G	۰/۵۱۶	۰/۵۱۶
chi-Square	۱۹۵۲۳/۰۳۱	۱۹۵۲۳/۰۳۱
NFI	۰/۵۰۴	۰/۵۰۴

جدول ۷– معیارهای برازش برای سازه‌های پنهان ژنتیکی و مقادیر آن‌ها برای مدل۱

Table 7. Fitted criteria for hidden genetic structures constructs and their values for model 1

سازه	آلفای کرونباخ	rho_A	قابلیت اطمینان کامپوزیت	واریانس متوسط استخراج شده
ft	۰/۹۵۸	۰/۹۵۹	۰/۹۷۹	۰/۹۵۹
pt	۰/۰۱۹	۰/۰۵	۰/۴۴۴	۰/۳۳۵
rpt	۰/۳۶۶	۰/۳۵۳	۰/۶۷۹	۰/۴۴۳

مدل ۲



شکل ۲– نمایش گرافیکی مدل تصحیح یافته SEM برازش یافته مدل اول که در آن سازه تولید مثلی (rpt) و سازه تولیدی (pt) روی سازه ماندگاری (ft) اثر علّی دارند.

Figure 2. Representation of graphical fitted SEM in which reproduction construct (rpt) and production construct (pt) have causal effect on longevity (ft)

شکل ۲ نمایش مدل SEM با ساختاری مشابه با مدل ۱ (نمودار ۱) است با این تفاوت که برای سازه پنهان ژنتیکی pt معرف یا صفت تولید پروتیئن (PY) حذف شده است. چنانکه در مدل پیداست متغیرهای پنهان pt و rpt هریک جداگانه روی متغیر پنهان ft اثر علّی ازخود نشان می‌دهند. نتایج خود گردان سازی داده‌ها نشان داد که ضرایب تاثیر رگرسیونی pt و rpt روی ft معنادار نیست و با صفر تفاوت معناداری ندارد.

ضمن اینکه این دو سازه پنهان ژنتیکی نتوانسته‌اند واریانس ویژگی‌های ماندگاری (ft) را تبیین کنند (R2 برابر با صفر هست). شاخص RMSR نیز در برآورد نکویی برازش مدل مقدار ۰/۱۶۳ را نشان می‌دهد که نشان می‌دهد مدل مذکور مدل مناسبی نیست. جداول ۸ و ۹ معیارهای برازش بیشتری را برای مدل ۲ نشان می‌دهند.

جدول ۸– میعارهای برازش برای مدل ۲ و مقادیر آن

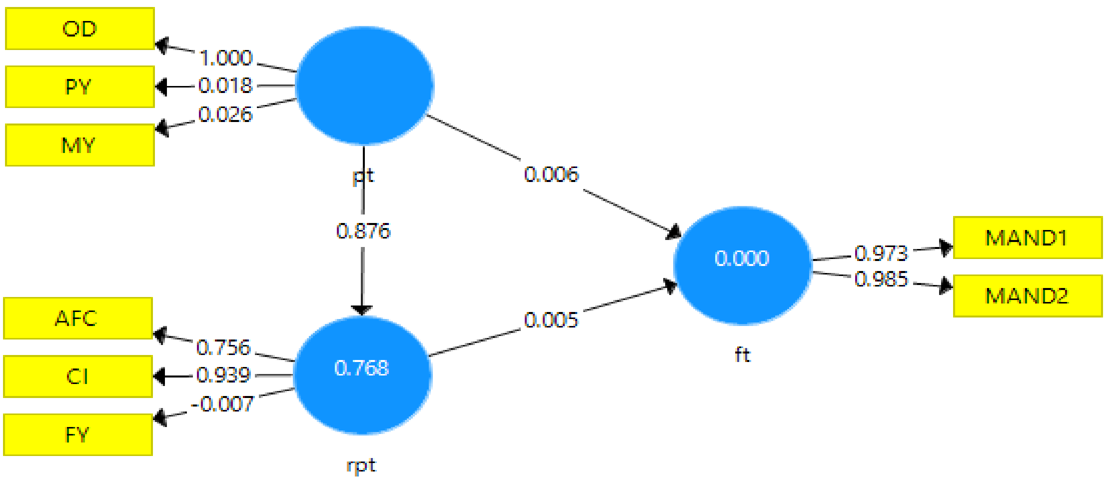
Table 8. Fitted criteria for model 2 and its values

معیار	مدل اشباع	مدل برآورد
SRMR	۰/۱۶۳	۰/۱۶۳
d_ULS	۰/۷۴۵	۰/۷۴۵
d_G	۰/۵۱۵	۰/۵۱۵
chi-Square	۱۹۴۹۱/۶۳۵	۱۹۴۹۱/۶۳۵
NFI	۰/۵۰۵	۰/۵۰۵

جدول ۹- معیارهای برازش برای سازه‌های پنهان ژنتیکی و مقادیر آن‌ها برای مدل ۲

Table 9. Fitted criteria for hidden genetic structures and their values for model 2

سازه	آلفای کرونباخ	rho_A	قابلیت اطمینان کامپوزیت	واریانس متوسط استخراج شده
ft	۰/۹۵۸	۰/۹۵۹	۰/۹۷۹	۰/۹۵۹
pt	۰/۰۲	۰/۰۴۵	۰/۵۹۴	۰/۵۰۲
rpt	۰/۳۶۶	۰/۳۵۳	۰/۶۹۷	۰/۴۴۳



شکل ۳- نمایش گرافیکی مدل SEM برازش یافته که در آن سازه تولیدی(pt) روی سازه ماندگاری(ft) و سازه تولید مثلی(rpt) و همزمان سازه تولید مثلی (rpt اثر علّی روی سازه ماندگاری (ft) دارد.

Figure 3. Representation of graphical fitted SEM in which reproduction construct (rpt) and production construct (pt) have causal effect on longevity (ft)

شکل ۳ مدل SEM را نشان می‌دهد که سازه pt اثر علّی روی سازه rpt دارد و هر دو روی سازه ft اثر علّی ازخود نشان می‌دهند. با در نظر گرفتن این فرض که سازه pt روی سازه rpt اثر می‌گذارد، مدل مفروض آزمون شده است. خروجی محاسبات این مدل نشان می‌دهد ضمن اینکه میانگین واریانس استخراج شده تمامی عوامل بالای ۰/۵ بود، کلیت مدل از برازش مناسبی برخوردار بود (RMSR برابر با ۰/۰۵۱). همچنین هر چند سازه‌های تولیدی و تولید مثلی روی سازه ماندگاری تاثیر معناداری نداشت و نمی‌توانند واریانس آنرا تبیین کنند ولی ویژگی‌های سازه تولیدی با تاثیر استانداردی به میزان ۰/۸۷۶ قادر است ۰/۷۷ درصد واریانس ویژگی های تولید مثلی را تبیین نماید. جداول ۱۰ و ۱۱ معیارهای برازش بیشتری را برای مدل ۳ نشان می‌دهند.

جدول۱۰- معیارهای برازش برای مدل ۳ و مقادیر آن

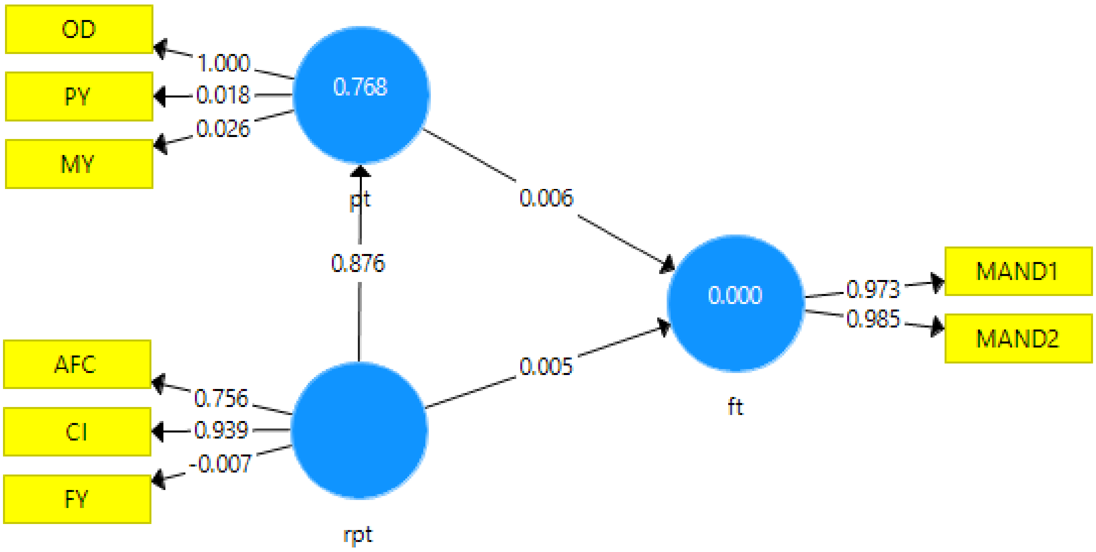
Table 10. Fitted criteria for model 3 and its values

معیار	مدل اشباع	مدل برآورد
SRMR	۰/۰۵۱	۰/۰۵۱
d_ULS	۰/۰۹۵	۰/۰۹۵
d_G	۰/۱۳۷	۰/۱۳۷
chi-Square	۷۶۴۵/۵۲۰	۷۶۴۵/۵۲۰
NFI	۰/۸۰۶	۰/۸۰۶

جدول ۱۱- معیارهای برازش برای سازه‌های پنهان ژنتیکی و مقادیر آن‌ها برای مدل ۳

Table 11. Fitted criteria for hidden genetic structures constructs their values for model 3

سازه	آلفای کرونباخ	rho_A	قابلیت اطمینان کامپوزیت	واریانس متوسط استخراج شده
ft	۰/۹۵۸	۱/۰۱۶	۰/۹۷۹	۰/۹۵۹
pt	۰/۰۱۹	۰/۵۵۸	۰/۳۵۳	۰/۳۳۴
rpt	۰/۳۶۶	۰/۸۳۸	۰/۶۴۸	۰/۴۸۴



شکل ۴- نمایش گرافیکی مدل SEM برازش یافته که در آن سازه تولیدی(rpt) روی سازه ماندگاری(ft) و سازه تولید مثلی(pt) و همزمان سازه تولید مثلی (rpt اثر علّی روی سازه ماندگاری (ft) دارد.

Figure 4. Representation of graphical fitted SEM in which reproduction construct (rpt) and production construct (pt) have causal effect on longevity (ft) and simultaneously reproduction construct (rpt) has casual effect on longevity construct (pt)

شکل ۴ با در نظر گرفتن این فرض که سازه rpt روی سازه pt اثر علّی می‌گذارد، مدل مفروض آزمون شده است. مدل یاد شده مانند ۳ است با این تفاوت که جهت علّیت بین دو سازهrpt و pt عوض شده است. خروجی محاسبات این مدل نشان داد ضمن اینکه میانگین واریانس استخراج شده تمامی سازه‌ها بالای ۰/۵ هست، کلیت مدل نیز از برازش مناسبی برخوردار بود (RMSR برابر با ۰/۰۵۱). همچنین هرچند سازه‌های pt و rpt روی سازه ft تاثیر معناداری نداشت و نمی‌توانستند واریانس آنرا تبیین کنند ولی rpt با تاثیر استانداردی به میزان ۰/۸۷۶ قادر است ۰/۷۷ درصد واریانس pt را تبیین نماید. جداول ۱۲ و ۱۳ معیارهای برازش بیشتری را برای مدل ۴ نشان می‌دهند.

جدول ۱۲- معیارهای برازش برای مدل ۴ و مقادیر آن

Table 12. Fitted criteria for model 4 and its values

معیار	مدل اشباع	مدل برآورد
SRMR	۰/۰۵۱	۰/۰۵۱
d_ULS	۰/۰۹۵	۰/۰۹۵
d_G	۰/۱۳۷	۰/۱۳۷
chi-Square	۷۶۴۵/۵۲	۷۶۴۵/۵۲
NFI	۰/۸۰۶	۰/۸۰۶

جدول ۱۳- معیارهای برازش برای سازه‌های پنهان ژنتیکی و مقادیر آن‌ها برای مدل ۴

Table 13. Fitted criteria for hidden genetic structures and their values for model 4

سازه	آلفای کرونباخ	rho_A	قابلیت اطمینان کامپوزیت	واریانس متوسط استخراج شده
ft	۰/۹۵۸	۱/۰۱۶	۰/۹۷۹	۰/۹۵۹
pt	۰/۰۱۹	۰/۵۵۸	۰/۳۵۳	۰/۳۳۴
rpt	۰/۳۶۶	۰/۸۳۸	۰/۶۴۸	۰/۴۸۴

همانطور که گفته شد، SEM از دو بخش تشکیل می‌شود: بخش اندازه گیری و بخش ساختاری. در مدل‌های SEM به کار رفته در این پژوهش (مثل نمودار ۱)، سازه pt با چند معرف آشکار (صفت) OD و PY و MY اندازه گیری شده. به این مدل که با این سه معرف اندازه گیری شده است، یک مدل اندازه‌گیری می‌گویند. این مدل دارای چند بار عاملی (سازه‌ایی) است. به عبارتی پیکانی که از pt به OD و PY و MY رفته دارای بار عاملی است که pt باید زیر ۰/۰۵ باشد تا بار عاملی معنا دار شود. معمولا این بار عاملی کمتر از ۰/۰۳ نباید باشد. مشخصه دوم مدل SEM بخش ساختاری آن است. به رابطه بین سازه‌های پنهان می‌پردازد که ضرایب رگرسیون هستند. معیار ارایه این ضرایب این است که تفاوت معنی دار با صفر داشته باشد و مقادیر آن زیر ۰/۵ باشد. در مدل ۱ چند شکل وجود دارد. بارهای عاملی که pt با آن‌ها اندازه‌گیری شده معنادار نیستند این دو معرف PY و MY، معرف‌های (صفات) مناسبی برای اندازه‌گیری pt نیستند. در بخش برازش مدل، شاخص‌های برازش مدل نشان داده شده است. این شاخص‌ها میزان انطباق داده‌های تجربی با مدل

[DOR: 20.1001.1.22518622.1399.11.30.15.7]
[DOI: 10.52547/rap.11.30.134]

نظری را نشان می‌دهد. از بین این شاخص‌ها با SRMR و ML سرو کار داریم که باید زیر ۰/۰۹ باشند و در مدل ۱ بالای ۰/۰۹ هستند و برابر ۰/۱۴ هستند. قابلیت اطمینان کامپوزیت اعتبار و پایداری سازه را می‌سنجد. مقدار آلفا کورن باخ فقط در ft قابل قبول است و به ما نشان می‌دهد معرف‌هایی که برای اندازگیری pt در نظر گرفتیم معرف‌های (صفات) مناسبی نیستند و بهم ارتباط ندارند و در مورد ft این مشکل وجود ندارد. مقدار واریانس متوسط استخراج شده باید بالای ۵. باشد فقط ft بالای /۵ است و در بقیه موارد مقدار لازم واریانس را نتوانستند که داشته باشند. در مورد ساختی مدل ۱ اثر pt بر روی ft برابر با ۰/۰۰۱ است. و اثر rpt روی ft برابر با ۰/۰۱۵ است که مشخصا اثر معناداری ندارند. نتایج خود گردان سازی داده‌ها نشان داد که این مقدار قابل قبول نیست چرا که مقدار P-value بالای ۰/۵ است. از طرفی داخل سازه پنهان ft مقدار واریانس صفر شده است و pt و rpt نتوانسته‌اند هیچ مقدار از واریانس ft را توضیح دهند. در مدل ۲ برای اینکه اندازه گیری درست‌تر باشد، در سازه pt معرف یا صفت PY حذف شد. واریانس متوسط استخراج شده در ft و pt به حد قابل قبولی رسید اما کرون باخ pt و rpt پایین بود و ضرایب رگرسیونی موثر بر ft باز هم با صفر تفاوت معناداری نداشت و اثر گذاری آن روی ft نشان داد که ضرایب رگرسیونی نتوانستند واریانس ft را تبیین کنند. شاخص مدل ۰/۱۶۲ بود که باید زیر ۰/۰۸ باشد این بدان معنی است که مدل برازش مناسبی ندارد. در مدل ۳ هر چند pt یا rpt نتوانستند روی ft اثر بگذارند ولی pt قادر بود روی rpt اثر بگذارد و میزان ضریب رگرسیون ۰/۸۷۶ شد و در مجموع pt توانست ۷۷ درصد از واریانس rpt را تبیین کند. در مورد شاخص برازش مدل، شاخص مناسبی است و SRMR برابر ۰/۰۵۱ بود که قابل قبول است. اما در مورد شاخص‌های اعتباری مدل کورن باخ، آلفا و p value وجود دارد که نشان می دهد معرف‌هایی که برای اندازه گیری pt و rpt در نظر گرفته شده اند، مناسب نبودند. در مدل ۴ مشاهده می‌شود که مدل ۴ همان مدل ۳ هست فقط عکس رابطه در نظر گفته شده است. در اینجا فرض شده است که rpt می تواند روی pt اثر گذارد. مقدار ضریب رگرسیون آن ۰/۸۷۶ است و rpt می‌تواند حدود ۰/۷۷ از pt را تعیین کند و این درحالی است که pt و rpt روی ft اثر گذار نیستند. شاخص SRMR ۰/۵۱ است که نشان می‌دهد مدل از برازش خوب و مناسب برخوردار است. آلفا کرون باخ برای مدل ۴ قابل قبول و بالای ۰/۷ است و واریانس متوسط استخراج شده آن هم بالای ۰/۵ است که قابل قبول است ولی برای سه مدل قبلی قابل قبول نیست. این مدل‌ها نشان داد معرف‌هایی (صفات) که برای ایجاد سازه‌های pt و rpt در نظر گرفته شده بودند، معرف‌های مناسب و درستی نبودند. و معرف‌هایی که برای ft در نظر گرفته شده‌اند مناسب بودند. گزارش دادن تمام نتایج برآورد شـــده در این پژوهش نه الزم و نه امکان پذیر است و همه آنها نیز برای خوانندگان جذابیت ندارد. تفســـیر مناسب از شـــاخص‌های برازندگی مستلزم تصمیم پژوهشگر در رابطه با نقاط بحرانی یا نقاط برش مقادیر این شاخص‌ها اســـت.

میزان وراثت‌پذیری‌های برآورد شده برای صفات تولیدی، تولید مثلی و عملکردی با استفاده از روش‌های تجزیه‌وتحلیل‌های تک صفتی و چند صفتی تقریبا نزدیک به هم برآورد شدند. در میان صفات تولیدی و تولید مثلی، صفت چربی و سن اولین زایش بیشترین میزان وراثت‌پذیری را به خود اختصاص دادند. وراثت‌پذیری صفات تولیدی در حد متوسط و وراثت‌پذیری صفات تولید مثلی پایین برآورد شدند. برآوردهای پایین وراثت پذیری نشان داد که صفات باروری ممکن است تا حد زیادی تحت تاثیر شرایط محیطی قرار بگیرند. بنابراین بهبود در تغذیه و مدیریت تولید مثلی احتمالا می‌تواند تاثیر بیشتری روی باروری داشته باشد. با توجه به ارزش اقتصادی و مهم این صفات تولیدی و تولید مثلی در صنعت پرورش گاو شیری ایران می‌بایست از ارزیابی‌های ژنتیکی چند صفتی بهره برد. نتایج تجزیه و تحلیل‌های ژنتیکی با استفاده از مدل‌های دو صفتی نشان داد که همبستگی ژنتیکی قوی و معکوسی بین صفات تولیدی (تولید شیر- چربی)، بین صفات تولید مثلی (فاصله زایش- روزهای باز) وجود دارد. با این‌حال متاسفانه در روش‌های ارزیابی ژنتیکی چند صفتی امکان برآورد رابطه علی بین صفات وجود ندارد. نتایج این پژوهش نشان داد صفت ژنتیکی پنهان تولیدی دارای اثر علّی روی صفت ژنتیکی پنهان تولید مثلی و روی صفت ژنتیکی پنهان عملکردی است که باز خود صفت ژنتیکی پنهان تولید مثلی روی صفت ژنتیکی پنهان عملکردی اثر علّی مستقیم دارد. استفاده از متغیرهای پنهان و با توجه به میزان مقادیر برآورد شده برای بارهای عاملی با استفاده از دو روش مدلسازی ساختاری سبب ارزیابی بهتر از روابط بین متغیرها خواهد شد. پیشنهاد می‌شود از مدل‌های تابعیت تصادفی به دلیل صحت بالاتر در برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روز آزمون صفات تولید شیر مورد استفاده واقع شود. هم‌چنین از سایر صفات به دلیل همبستگی ژنتیکی بالای سایر صفات تولیدمثلی هم‌چون طول دوره خشکی، تعداد تلقیح، با صفات تولید مثلی مورد مطالعه در این تحقیق نیز در ارزیابی ژنتیکی صفات تولیدمثلی استفاده شود.

منابع

1. Abdel-Gader A.Z., A. Musa, and L.M.Ahmad, A. Musa. 2007. Milk yield and reproductive performance of Friesian cows under Sudan tropical conditions. Archives Animal Breeding, 50(2): 155-164.
2. Aghajari, Z., A. Ayatollahi Mehrgardi, R. Tahmasbi and M. Moghbeli. 2015. Genetic and phenotypic trends of productive and reproductive traits in Iranian holstein dairy cattle of Isfahan province. Iranian Journal of Applied Animal Science, 5(4): 819-825.
3. Assadollahi, S.S. and N.Q. Hosseinzadeh. 2016. Genetic analysis of twinning and the distance between calving in Iranian Holstein cows using Bayesian method based on Gibbs sampling. 7th Iranian Congress of Animal Sciences, University of Tehran, Tehran, Iran.
4. Barazandeh, A., M.R. Mohammadabadi, M. Ghaderi and H. Nezamabadipour. 2016. Predicting CpG islands and their relationship with genomic feature in cattle by hidden markov model agorithm. Iranian Journal of Applied Animal Science, 6: 571-579.
5. Bitaraf Sani, M., A. Aslaminejad and A. Seyeddokht. 2013. Genetic evaluation of age at first calving, open days and milk production of Holstein cattle in Iran. Iranian Journal of Animal Science Research, 5(1): 62-68.
6. Bousquet, D., E. Bouchard and D. DuTremblay. 2004. Decreasing fertility in dairy cows: Myth or Reality. 23rd World Buiatrics Congress, Quebec City, Canada.
7. Byrne, B.M. 2016. Structural equation modeling with AMOS: Basic concepts, applications and programming: 1ST edn, Routledge. 416 pp.
8. Campos, R., J.A. Cobuci, E.L. Kern, C.N. Costa and C.M. McManus. 2015. Genetic parameters for linear type traits and milk, fat, and protein production in Holstein cows in Brazil. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 28(4): 476-489.
9. Chookani, A., M. Dadpasand, H.R Mirzaii, M. Rokouii and M.B. Sayadnejad. 2010. An estimation of genetic parameters for some reproductive traits and their relationships to milk yield in Iranian holstein cattle. Iranian Journal of Animal Science, 4(40): 53-61.
10. Cooke, J.S., Z. Cheng, N.E. Bourne and S.C. Wathes. 2013. Association between growth rates, age at first calving and subsequent fertility, milk production and survival in Holstein-Friesian heifers. Journal of Animal Sciences, 3(1): 1-12.
11. Dastanian, V., S. Khalajzadeh and M.B. Sayadnejad. 2012. Evaluation of milk production in the first lactation period of Iranian Holstein cows in different provinces of the country. Fifth Iranian Congress of Animal Sciences, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.
12. Ebrahimi, Z., M.R Mohammadabadi, A.K. Esmailizadeh, A. Khezri and A. Najmi Noori. 2015a. Association of PIT1 gene with milk fat percentage in Holstein cattle. Iranian Journal of Applied Animal Science, 5: 575-582.
13. Ebrahimi, Z., M.R. Mohammadabadi, A.K Esmailizadeh and A. Khezri. 2015b. Association of PIT1 gene and milk protein percentage in Holstein cattle. Journal of Livestock Science and Technologies, 3: 41-49.
14. Faid-Allah, E. 2015. Genetic and non-genetic analysis for milk production and reproductive traits in Holstein cattle in Egypt. Indonesian Journal of Animal and Veterinary Sciences, 20(1): 10-17.
15. Faraji-Arough, H., A.A. Aslaminejad and H. Farhangfar. 2011. Estimation of genetic parameters and trends for age at first calving and calving interval in Iranian Holstein cows. Journal of Research Agriculture Science, 7(1): 79-87.
16. Faraji-Arough, H. and M. Rokouei. 2016. Bayesian inference of genetic parameters for reproductive traits in Sistani native cows using Gibbs sampling. Journal of Livestock Science and Technologies, 4(2): 39-49.
17. Forabosco, F. 2005. Breeding for longevity in Italian Chianina cattle Journal of Livestock Science and Technologies, 4(2): 39-49.
18. Fu, X., L. Lu, X. Huang, Y. Wang, K. Tian, X. Xu, F. Jiqing, C. Liming, G. Zhiqin and Y. Tian. 2017. Estimation of genetic parameters for 305 days milk yields and calving interval in Xinjiang brown cattle. Agricultural Sciences, 8(1): 46-55.
19. Ghasemi, M., A. Baghizadeh and M.R. Abadi. 2010. Determination of genetic polymorphism in Kerman Holstein and Jersey cattle population using ISSR markers. Australian Journal of Basic and Applied Sciences, 4: 5758-5760.
20. Ghiasi, H., M. Khaldari and R. Taherkhani. 2014. Genetic and phenotypic analyses of milk production and fertility traits of Iranian Holstein dairy cattle. Journal of Livestock Research, 2(2): 29-36.

[DOR: 20.1001.1.22518622.1399.11.30.15.7]

[DOI: 10.52547/rap.11.30.134]

21. Ghazi Khani Shad, A., M.B. Sayadnejad and M.A. Heidari. 2010. The effect of first calving age and maternal age on production traits of Iranian Holstein cows. Journal of Animal Science and Research, 5: 51-41.
22. González-Recio, O. and R. Alenda. 2005. Genetic parameters for female fertility traits and a fertility index in Spanish dairy cattle. Journal of dairy science, 88(9): 3282-3289.
23. Goshu, G., H. Singh, K.J. Petersson and N. Lundeheim. 2014. Heritability and correlation among first lactation traits in Holstein Friesian cows at Holeta Bull Dam Station, Ethiopia. International Journal of Livestock Production, 5(3): 47-53.
24. Guo, G., X. Guo, Y. Wang, X. Zhang, S. Zhang, X. Li and L. Du. 2013. Estimation of genetic parameters of fertility traits in Chinese Holstein cattle. Canadian Journal of Animal Science, 94(2): 281-285.
25. Hare, E., H.D. Norman and J.R. Wright. 2006. Trends in calving ages and calving intervals for dairy cattle breeds in the United States. Journal of Dairy Science, 89: 365-370.
26. Madahi, N., P. Zamani and A. Rostami, 2016. Genetic analysis of the first age of insemination, the first age of calving in Holstein cows in Hamadan province. 7th Iranian Congress of Animal Sciences, University of Tehran, Tehran, Iran.
27. Motamedi, M.M., F. Eftekhari Shahroudi, R. Valizadeh, H. Farhangfar, M. Bashtani and H. Naeemipour . 2011. Estimation of genetic parameters for some production and reproduction traits in a herd of Holstein cow, 24(90): 22-27.
28. Moghadasin, M. and M. Falsafi Nejhad. 2012. Application of structural equation models to estimate reliability and validity of psychological tests and assess the reliability and validity of adult ADHD diagnostic scale. Quarterly of Educational Measurement, 3(10): 103-138.
29. Nafez, M.S., S. Zarehdaran, A. Hassani and R. Samiei. 2012. Genetic evaluation of production and reproductive traits in Holstein cows in the north of the country. Iranian Journal of Animal Science Research, 4(1): 77-69.
30. Ilyas, A., S.M. Suhail and M. Shafiq. 2008. Heritability estimates and genetic correlations of various production and reproductive traits of different grades of dairy cattle reared under subtropical condition. Reproduction in Domestic Animals, 54: 1026-1033.
31. Kharrati Koopaei, H., M.R Mohammad Abadi, S. Ansari Mahyari, A.R. Tarang, P. Potki and A.K. Esmailizadeh. 2012. Effect of DGAT1 variants on milk composition traits in Iranian Holstein cattle population. Animal Science Papers and Reports, 30(3): 231-240.
32. Kharrati Koopaei, H., M.R Mohammadabadi, S. Ansari Mehyari, A.K. Esmailizadeh, A. Tarang and M. Nikbakhti. 2011. Genetic variation of DGAT1 gene and its association with milk production in Iranian holstein cattle breed population. Iranian Journal of Animal Science Research, 3(2): 185-192.
33. Kline, R.B. 2015. Principles and practice of structural equation modeling. Guilford publications, New York, USA.
34. Mohammad Abadi, M.R. and A. Mohammadi. 2010. Study of beta-lactoglobulin genotypes in native and Holstein cattle of Kerman province. Journal of Animal Productions, 12(2): 61-67.
35. Pasandideh, M., M.R. Mohammadabadi, A.K. Esmailizadeh and A. Tarang. 2015. Association of bovine PPARGC1A and OPN genes with milk production and composition in Holstein cattle. Czech Journal Animal Science, 60: 97-104.
36. Pozveh, S.T., A.A. Shadparvar, M.M. Shahrbabak and M.D and Taromsari. 2009. Genetic analysis of reproduction traits and their relationship with conformation traits in Holstein cows. Journal of Livestock Science, 125(1): 84-87.
37. Raykov, T. and G.A. Marcoulides. 2012. A first course in structural equation modeling, New York, 2nd Edition. 248pp.
38. Sadeghi Sefidmazgi, A., M. Moradi Shahrbabak, A. Nejati Javaremi, S.R. Miraei Ashtiani and P.R. Amer. 2012. Breeding objectives for Holstein dairy cattle in Iran. Journal of Dairy Science, 95: 3406-3418.
39. Sargolzae, M. 2002. Pedigree, user guide. Department of Animal and Genetic, Animal Science Research institute. Karaj. Iran.
40. Shirmoradi, Z., A. Salehi, R.Pahlavan and M. Mollasalehi. 2010. Genetic parameters and trend of production and reproduction traits in Iranian Holstein cattle, Animal Production, 12(2): 21-28.
41. Shahdadi, S.D.A. Hassani, M. Saghi, A.R. Ahani Azari, B. Eghbal and A. Rahimi. 2014. Estimation of genetic parameters of A.R. first lactation production and reproduction traits in Iranian Holstein dairy cows. Journal of Ruminant Research, 1(4): 109-126.

42. Solemani-Baghshah, S., S. Ansari-Mahyari, M.A. Edriss and H. Asadollahpour Nanaei. 2014. Estimation of genetic and phonotypic trends for age at first calving, calving interval, days open and number of insemination to conception for Isfahan holstein cows. International Journal of Advanced Biological and Biomedical Research, 2(5): 1307-1314.
43. Ulhôa Magnabosco, C.F., G. Brito Lopes, MR. Jordão de and R.D. Sainz. 2016. Bayesian estimates of genetic parameters for reproductive traits in Nellore cows raised on pasture in tropical regions. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, 29(2): 22-36.
44. Van Raden, P., A. Sanders, M. Tooker, R.H. Miller, H.D. Norman, M.T. Kuhn and G.R. Wiggans. 2004. Development of a national genetic evaluation for cow fertility. Journal of Dairy Science, 87: 2285-2292.
45. Weigel, K. 2006. Prospects for improving reproductive performance through genetic selection. Animal Reproduction Science, 96: 393-330.
46. Zeleke, B., K. Kebede and B.A. Kumar. 2016. Estimation of genetic parameters for reproductive traits of Fogera and Holstein Friesian crossbred cattle at Metekel Ranch, Amhara region, Ethiopia. Online Journal of Animal Feed Research, 6: 90-95.
47. Zink, V., J. Lassen and M. Štípková. 2012. Genetic parameters for female fertility and milk production traits in first-parity Czech Holstein cows. Czech Journal Animal Scicence, 57(3): 108-114.

[DOR: 20.1001.1.22518622.1399.11.30.15.7]

[DOI: 10.52547/rap.11.30.134]

Structural Equations Modeling of Hidden Genetic Constructs of Production, Reproduction and Longevity in Holstein Cows in Iran

Mostafa Ghaderi-Zefrehei[1], Farshad Gravand[2], Azadeh Torabi[3] and Seyyed Samad Beheshti[4]

1- Associate Professor, Department of Animal Science, Yasouj University, Yasouj, Iran
(Corresponding Author: Mostafa Ghaderi-Zafrehei)
2- Student of Genetics and Breeding, Faculty of Agriculture, Yasouj University, Yasouj, Iran
3- Assistant Professor, Department of Agriculture, Payame Noor University, Tehran, Iran
4- Assistant Professor, Department of Social Sciences, Yasouj University, Yasouj, Iran
Received: June 12, 2020 Accepted: October 4, 2020

Abstract

In structural equation modeling, it is possible to create hidden variables that cannot be directly measured by the researcher. The aim of this study was to model the structural equations of hidden genetic constructs of production, reproduction and longevity of Holstein dairy cows in Iran using breeding value of the traits that make up these constructs. Accordingly, the breeding value of the traits of the age at first calving, calving interval and the open days made up the hidden genetic construct of reproductive production; the adjusted milk, fat, and protein production traits formed the hidden genetic construct of the product and the lifetime traits in the herd and the productive lifespan constituted the hidden genetic construct of longevity. Estimation of single-trait and multi-trait animal model of genetic variance components, breeding values of each of the above traits was performed using Bayesian method conducted in GIBBS3F90 software. For this purpose, 500,000 rounds were performed and 50,000 initial samples – as burnt-in were removed from analysis. Then, using the variance-based method implemented in SMARTPLS software, 4 conceptual models of structural equation modeling (SEM) were created using the breeding value of the mentioned traits. Using the single animal model, the heritability of milk, fat and protein productions, age at first calving, calving interval, open days, lifetime in herd and production lifespan were 0.36, 0.55, 0.56, and 0.0250, 0.24, 0.07, 0.07 and 0.011, and using the multi-animal model, these values were 0.21, 0.52, 0.42, 0.48, 0.38, and 08, 0.0, 0.74 and 0.51, respectively. The estimated genetic correlation between the traits varied from -0.87 (milk production-fat production) to 0.98 (lifetime in herd and productive lifespan). The report root means square residuals (RMSR) on different SEM models fitted to breeding values of the traits that made up the various structures showed that the best fit was obtained when reproduction and production constructs had causative effect on longevity construct. This type of modeling approach has been used for the first time in the animal sciences which is rooted in social science researches. Therefore, adapting SEM modeling assumptions to the reality of animal sciences data can be a new field for breeding specialists, especially managers of production farms, because researchers in breeding sciences can ask many questions and hypotheses in the form of different constructs and create appropriate and establish a better management for the breeding farm due to the significant causal relationship between the extracted constructs.

Keywords: Bayesian method, Hidden construct, Holstein cow, Structural equation modeling (SEM)